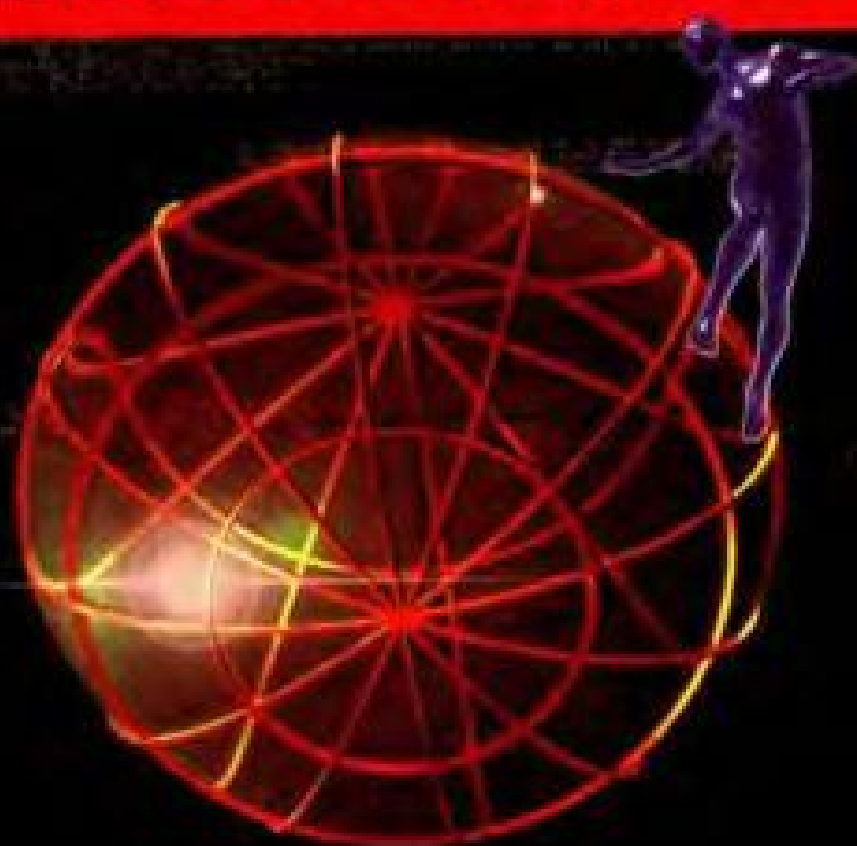




第一推动丛书(第33册)

Investigation 科学新领域的探索

(英) 詹姆斯·格雷克 著 洪忠信 译 湖南科学技术出版社





美国新墨西哥州洛基山脚下的圣菲研究所属洛新阿拉莫斯国家实验室(LANL)下设,以研究复杂系统而著称。在圣菲研究所永远充满了“对‘复杂性’这一科学新领域的激动人心的讨论。圣菲研究所拥有国际顶尖的科学家,包括因凝聚态物理的工作而获得1977年诺贝尔物理学奖的菲利普·安德森,因发现粒子物理中最基本的组分——夸克而获得1969年诺贝尔物理学奖的玛瑞·盖尔曼,因普适平衡经济理论而获得1972年诺贝尔经济学奖的经济学家詹姆斯·阿罗和圣菲研究所的创始人。原美国洛新阿拉莫斯国家实验室研究所主任乔治·雅各,以及《宇宙学》和本书的作者,美国科学家斯图亚特·考夫曼等。

科学新领域的探索

长期以来,物理科学领域对我们的思维模式产生过重大影响,例如牛顿的牛顿力学、爱因斯坦的相对论、玻尔等人的量子力学。如今,有关复杂系统,特别是现代生物学领域的研究成果,对我们的思维模式已经开始产生更为深远的影响,并将成为形成我们世界观的重要组成部分。

在本书中,斯图亚特·考夫曼以其广泛的涉猎和全新、独特的视角,从广义生物学、生命多样性的讨论,探索大千世界的方方面面,从整体出发,探索超越牛顿、爱因斯坦、玻尔的经典力学所揭示的机械性的复杂系统的更为普遍的自然观。字里行间无不表现出美国本土那种睿智、追求真理的学术精神,不仅能给予对科学新领域感兴趣的读者知识,更能开阔读者探索未知世界的眼界。



第一推动丛书·第3辑

Investigation 科学新领域的探索

〔美〕斯图亚特·考夫曼 / 著 池丽平 蔡 飏 / 译 湖南科学技术出版社

第一推动丛书 第3辑

科学新领域的探索

著 者：|美| 斯图亚特·考夫曼

译 者：池丽平 蔡 勛

责任编辑：戴 涛 陈 刚 吴 炜

出版发行：湖南科学技术出版社

社 址：长沙市湘雅路276号

<http://www.hnstp.com>

邮购联系：本社直销科 0731-4375808

印 刷：长沙化勘印刷有限公司

(印装质量问题请直接与本厂联系)

厂 址：长沙市青园路4号

邮 编：410004

出版日期：2004年5月第1版第1次

开 本：889mm×1194mm 1/32

印 张：11.75

字 数：268000

书 号：ISBN 7-5357-3723-4/N·113

定 价：25.00 元

(版权所有·翻印必究)



总序

科学，特别是自然科学，最重要的目标之一，就是追寻科学本身的原动力，或曰追寻其第一推动。同时，科学的这种追求精神本身，又成为社会发展和人类进步的一种最基本的推动。

科学总是寻求发现和了解客观世界的新现象，研究和掌握新规律，总是在不懈地追求真理。科学是认真的、严谨的、实事求是的，同时，科学又是创造的。科学的最基本态度之一就是疑问，科学的最基本精神之一就是批判。

的确，科学活动，特别是自然科学活动，比较起其他的人类活动来，其最基本特征就是不断进步。哪怕在其他方面倒退的时候，科学却总是进步着，即使是缓慢而艰难地进步，这表明，自然科学活动中包含着人类的最进步因素。

正是在这个意义上，科学堪称为人类进步的“第一推动”。

科学教育，特别是自然科学的教育，是提高人们素质的重要因素，是现代教育的一个核心。科学教育不仅使人获得生活和工作所需的知识和技能，更重要的是使人获得科学思想、科学精神、科学态度以及科学方法的熏陶和培养，使人获得非生物本能的智慧，获得非与生俱来的灵魂。可以这样说，没有科学的“教育”，只是培养信仰，而不是教育。没有受过科学教育的人，只能称为受过训练，而非受过教育。



正是在这个意义上，科学堪称为使人进化为现代人的“第一推动”。

近百年来，无数仁人智士意识到，强国富民再造中国离不开科学技术，他们为摆脱愚昧与无知做了艰苦卓绝的奋斗。中国的科学先贤们代代相传，不遗余力地为中国的进步献身于科学启蒙运动，以图完成国人的强国梦。然而应该说，这个目标远未达到。今日的中国需要新的科学启蒙，需要现代科学教育。只有全社会的人具备较高的科学素质，以科学的精神和思想、科学的态度和方法作为探讨和解决各类问题的共同基础和出发点，社会才能更好地向前发展和进步。因此，中国的进步离不开科学，是毋庸置疑的。

正是在这个意义上，似乎可以说，科学已被公认是中国进步所必不可少的推动。

然而，这并不意味着，科学的精神也同样地被公认和接受。虽然，科学已渗透到社会的各个领域和层面，科学的价值和地位也更高了，但是，毋庸讳言，在一定的范围内，或某些特定时候，人们只是承认“科学是有用的”，只停留在对科学所带来的后果的接受和承认，而不是对科学的原动力、科学的精神的接受和承认。此种现象的存在也是不能忽视的。

科学的精神之一，是它自身就是自身的“第一推动”。也就是说，科学活动在原则上是不隶属于服务于神学的，不隶属于服务于儒学的，科学活动在原则上也不隶属于服务于任何哲学。科学是超越宗教差别的，超越民族差别的，超越党派差别的，超越文化的地域的差别的，科学是普适的、独立的，它自身就是自身的主宰。

湖南科学技术出版社精选了一批关于科学思想和科学精神的世界名著，请有关学者译成中文出版，其目的就是为了传播科学



的精神，科学的思想，特别是自然科学的精神和思想，从而起到倡导科学精神，推动科技发展，对全民进行新的科学启蒙和科学教育的作用，为中国的进步作一点推动。丛书定名为《第一推动》，当然并非说其中每一册都是第一推动，但是可以肯定，蕴涵在每一册中的科学的内容、观点、思想和精神，都会使你或多或少地更接近第一推动，或多或少地发现，自身如何成为自身的主宰。

《第一推动丛书》编委会



致读者

《科学新领域的探索》是一本不同寻常的书，其不同寻常之处就在于我敢于冒险。一段时间以来，一连串稀奇古怪的想法涌入我的脑海，我觉得它们都很重要，于是从1994年12月起我便开始坚持做笔记，挖掘这些不同问题的根源，也不管它们会将我带到何方。结果就是，一年之后我的努力汇成了《科学新领域的探索》这本书。开始着手写这本书之前，我一直怀有这样一个念头：看一看在葡萄糖梯度中向上游动的细菌，我们根本不用理会细菌有没有意识，就会毫不犹豫地说，细菌正在获取食物。也就是说，细菌正在环境中为了自己的利益而行动。我把这种能够在环境中为了自己的利益而行动的系统称之为“自主主体”。所有的自生有机体都是自主主体，同是细菌还是一个分子的有组织的集合，“是”一个物质系统。因此，我的问题就是：“物质系统怎样才能构成自主主体？”为了回答这个问题，我想了很多，而且似乎都是一些很离奇的想法，我甚至怀疑我所找到的答案能否确认生命的定义，当然我不敢肯定我的想法一定是对的。然后根据这个“生命的定义”，我被引向了更加离奇的方向，从识别非平衡的化学反应网络到它们的实验研究；然后是“功”这一概念的含义；麦克斯韦妖；我们是否能有限地预言生物圈演化的几率；宇宙是否可以各态历经；是否存在普适定律可以支配宇宙中任意



一个地方的生物圈……很可能有一天我们会创造出一种新的生命形式，或许就像我所定义的那样，也可能有一天我们会在火星或其他星球的岩石下找到一种新的生命形式。这样的发现必将会开启一扇通往广义生物学的门，一种不受地球生物学所限制的生物学。《科学新领域的探索》就是对广义生物学的一点早期贡献。对于《科学新领域的探索》这本书中所写的内容，我是既感到自豪，又感到疑惑。首先，我希望大家能对这本书感兴趣；其次，我希望我在科学道路上所开辟的一些小路对大家有所帮助。

非常感谢蔡勖教授和池丽平女士的翻译工作，因为我知道这不是一件容易的事。

斯图亚特·考夫曼

2003年1月24日于圣菲研究所



译者序

美国科学家斯图亚特·考夫曼 (Stuart Kauffman) 教授的新著 *Investigations*, 于 2000 年底由英国牛津大学出版社 (Oxford University Press) 出版。我们现在能将该书的中文译本《科学新领域的探索》奉献给读者, 似乎出于偶然的机会, 而又似乎缘于必然的结果。2001 年元月, 当该书的英文第一版新书刚由牛津大学出版社寄给作者时, 我的学生李炜博士正在美国圣菲研究所 (Santa Fe Institute) 访问。在考夫曼教授参与创建的 Bios Group 公司, 考夫曼把他的新书送给了李炜。考夫曼是圣菲研究所的长期成员, 而李炜则是该所刚获批准的中国第一批国际成员。圣菲研究所是新墨西哥州洛基山脚下的一个小型研究所, 离洛斯阿拉莫斯国家实验室 (LANL) 不远, 以研究复杂系统而著称。在圣菲研究所永远充满了对“复杂性”这一科学新领域的激动人心的讨论。此前, 李炜与我一起正致力于有关自组织临界性的研究。我们的一些成果, 包括被人称为 LC (李-蔡) 雪崩的研究, 与复杂性系统动力学有关, 具有阵发的、混沌的、类似雪崩形式的演化行为, 使得李炜有机会与圣菲研究所国际顶尖的科学家交往。他们中包括菲利普·安德森 (Philip Anderson), 因凝聚态物理的工作而获得 1977 年诺贝尔物理学奖; 马瑞·盖尔曼 (Murray Gell-Mann), 因发现粒子物理中最基本的组分——夸克而获得



1969年诺贝尔物理学奖；经济学家肯尼斯·阿罗（Kenneth Arrow），因普适平衡经济理论而获得1972年诺贝尔经济学奖；还有圣菲研究所的创始人，原美国洛斯阿拉莫斯国家实验室研究部主任乔治·科安（George Cowan）和本书的作者考夫曼等。感谢李炜博士在回国时将考夫曼送给他的 *Investigations* 带给了我。这使我萌念，让我的另一名学生池丽平和我一起合作翻译该书。感谢考夫曼先生允许我们在中国出版该书的中文版，感谢他专门为中国读者写序。感谢杨建邺教授的有力推荐，使我们的中文译本得以在湖南科学技术出版社作为《第一推动丛书》中的一本出版。

说起中文译本，书名如何取，是一件既有意思却又让我们颇费脑筋的事。考夫曼的英文书名是 *Investigations*，如果直译，是“探索”，似乎意义过泛。我们最初采用了“探索未然”，其中的“未然”，有点“防患于未然”中的未然之意。由于出版社认为不普及，我们将其改为“超越牛顿、爱因斯坦、玻尔的智慧——探索生命定义引发的思考”。出版社又认为过长，像一篇论文的题目，放弃了。之后，我们还取过如下的书名：未然的探索；不可预言的探索；探索宇宙的普适规律——由生命定义引出的思考；敲开宇宙（广义生物学，生命）之门；循着生命足迹的探索；离奇的原始性探索等，似乎都不合适。最终，在全部译稿修改完后，我们才确定采用目前的书名：科学新领域的探索。

我们知道，长期以来物理科学领域对我们的思维模式产生过重大影响，例如牛顿的经典力学、爱因斯坦的相对论、玻尔等人的量子力学。如今，有关复杂系统，特别是现代生物学领域的研究成果，对我们的思维模式已经开始产生更为深远的影响，并将成为形成我们世界观的重要组成部分。考夫曼的新书《科学新领域的探索》，就是从广义生物学、生命多样化的途径，探索大千



世界的方方面面的整体图景，探索超越牛顿、爱因斯坦、玻尔的远离平衡态的非线性的复杂系统的更具普遍的自然观。

李炜和我曾有另一本中文译著《大自然是如何工作的》（华中师范大学出版社 2001 年出版），英文原文是丹麦科学家巴克（Per Bak）有关自组织临界性科学的一本划时代著作 *How Nature Works*。在这本书的译者序中，我们引用了 19 世纪法国文学大师维克多·雨果的巨著《悲惨世界》中的一段话。我想在这里再一次援引，以饕读者：“谁能了解无限大和无限小相反相成，始因在物体的深渊中回响，以及宇宙形成时的大崩溃呢？一条小虫也不容忽视，小即大，大即小；在必然性中，一切都处于平衡态；对思维来说，真是骇人的幻想。在生物和物体之间，有奇异的关系；在这永不穷尽的整体中，从太阳到蚜虫，谁也不能藐视谁，彼此都相互依存；阳光不会将地上的芳香带上碧空，夜色也将星体的精华散发给睡眠中的花朵。飞鸟的爪子无不系着无限世界的绳索。万物化育，会因一颗流星的出现、乳燕的破壳而变得复杂，并同样导引出一条蚯蚓的出生和苏格拉底的问世。望远镜丧失效力之时，显微镜开始发挥作用。哪一种视野更为广阔呢？选择吧。”

《科学新领域的探索》一书，涉猎十分广泛，作者考夫曼观察之视角全新、独特。全书的字里行间，无不表现出作者追本溯源的睿智。我们相信读者在阅读时，不仅能够学到新科学领域的丰富知识，更能够激发起探索未知世界的热情。

蔡 勖

2002 年 9 月 30 日于武昌桂子山

前 言

毫无疑问,《科学新领域的探索》是我科学生涯中最不可思议而且是最令人难以置信的一部作品。从1994年12月起,我便开始坚持做笔记,并把这本笔记命名为《科学新领域的探索》。我之所以这样命名,是因为考虑到了维特根斯坦(Wittgenstein)在他的《哲学研究》(*Philosophical Investigations*)一书中对逻辑原子论的突破性发展,并且意识到有些重要但又不太清楚的东西有待揭示。此后的整个冬天,1995年的春夏,以及那年秋天在埃佛勒斯^①(Everest)地区所呆的一个月,我一直在考虑这些问题。经过一番努力,终于在1996年9月由圣菲研究所出版社出版了一个粗糙的版本。一年后我又重新回到这个课题,然后一直致力于此项工作。不论《科学新领域的探索》这本书是有用的(正如我所希望的),还是笨拙的,它都不算是常规科学。

《科学新领域的探索》这本书,从其写作过程和书中给出的结果来看,其最惊人的方面也许就在于我将自己的疑惑展现了出来——我认为牛顿、爱因斯坦、玻尔他们做科学的方法可能是不

^① 埃佛勒斯峰(Everest):英国人于1856年计算并确认它是世界第一高峰之后,便以当时的测量局长的名字“埃佛勒斯”(Everest)来命名这一座山。1952年,中国正式把埃佛勒斯改回为古老的西藏名字“珠穆朗玛”。 译者注



完全的。你看，如果遵循他们在物理学中所经常列举的例子，即给定粒子、受力、原理、初始条件和边界条件，我们就可以计算出其结果。在这种情况下，我们可以事先知道整个几率空间，也就是我们能有限地预言所研究系统的几率的位形空间^①。而能够预言位形空间则是经典统计力学的本质前提，比如我们常说的气体系统中由 N 个粒子的所有可能坐标和动量所构成的 $6N$ 维相空间。

使我深感意外的是，这却使得我开始怀疑我们是否真的可以预言生物圈的位形空间。问题的根源就在子达尔文所称之为的“前适应”。“前适应”是指有机体的部分因果关系可能在正常环境中不具备适应性意义，却能在某些新环境中变得具备适应性意义，并最终通过自然选择而被选择。于是就出现了像听力、肺、飞行等这些主要的适应性以及绝大多数或者说全部的次要的适应性。但是，我们是否能够预先说，有机体各种奇怪的、前后相关的因果关系都会在某些奇异的环境中变得具有选择性意义，并因此而在生物圈中变成真实的物质存在？我想是不能的。既然如此，那我们就不能有限地预言生物圈的位形空间。

由此看来，生物圈在它的持续演化中，经历着难以预测的、不可估算的过程。这些过程不能单纯地归因于量子不确定性或决定性混沌，而是有不同的或者更深刻的原因：物质世界中的突现和持续创造是真实的。

我自认为以上观点是正确的。那么，科学和社会有何联系呢？我们认为，一方面社会和文化的发展受科学的支配。另一方面，正如公元前 4 世纪中国的孙子(Sun Tzu)所写的《孙子兵法》

① 位形空间：位形空间是牵涉一个系统中全部粒子的不同坐标的一个多维空间。一个位形可以看做是多维空间中的一个点。 译者注



和 19 世纪早期的克劳塞维茨^① (Clausewitz) 的《战争论》(On War) 所强调的, 不论科学怎样决定了策略和战术, 战争中总会
出现完全出乎意料的情况, 战争也是需要直觉和指挥天赋的。看来, 科学和艺术总是混合着出现在我们的日常生活中。实际上, 德语中的“知道”(wissen) 和“弄懂”(können), 以及英语中的“知其然”(know that) 和“知其所以然”(know-how) 就是这层意思。然而“知其然”和“知其所以然”在我们的科学中却没有地位。为什么呢?

不过, 这却将我带到《科学新领域的探索》一文中最初的问题上来。观察正在葡萄糖梯度中向上游动的细菌, 我们很容易想到细菌在获取食物, 也就是, 细菌正在环境中为了自身的利益而行动。我们把在环境中能为了自身的利益而行动的系统称之为“自主主体”(autonomous agent)。所有自生细胞和有机体都是自主主体。然而细菌“恰好”也是一个物质系统。借鉴康德的方式, 我的核心问题是, 一个物质系统怎样才会为了自己的利益而行动?

令人惊叹的是自主主体的确每天都在为了自己的利益而操纵着宇宙。然而, 运用现代物理、现代化学, 甚至现代生物学却无法得出这样的结论。因此, 一个物质系统到底怎样才能成为自主主体?

我想我似乎找到了一个可行的答案, 尽管我从未指望能发现一点蛛丝马迹, 也许只是我碰巧找到了生命自身的恰当定义而已。在这个过程中, 我另辟蹊径, 对功和功循环的物理概念提出了质疑(即麦克斯韦妖), 并最终找到了恰当定义“组织”的关键性概念, 这里所说的“组织”不能简单地认为只是物质、能

^① 克劳塞维茨 (Clausewitz, 1783~1831): 德国著名的资产阶级军事理论家和军事历史学家, 普鲁士军队将军。 译者注



量、熵或信息。事实上，细菌的细胞或菌落就是一个“繁殖组织”，一个不断构建自身的组织，其过程是我们无法清晰描述的。并且细胞和菌落所经历的过程在当前的物理学或生物学中都没有提到过，但它们的确形成了构建一个生物圈所需的一切。

而且，我们很快就会具备创造新的分子自主主体的能力。到那时，或者假设我们已在其他行星或太阳系中发现了生命，科学就会进入一个全新的时代，一个不受地球生物学限制的“广义生物学”^①时代。“广义生物学”的出现无疑会将物理和化学提高到一个新的水平，因为这些学科和生物学一样都是为了尽力弄清到底是怎样的普适规律支配着宇宙中任何一个地方的生物圈。而且分子自主主体的实验创新所带来的技术革命也绝不亚于计算机革命。这样，我们就可以创造能够通过选择来演化的物质系统，用它来完成我们所想要完成的任务。

在《科学新领域的探索》中，我们为任意的生物圈提出了四个假选法则。其最具有深远意义的就是下面这个问题：对于像生物圈这样一个自我构建的开放性热力学系统是否存在热力学第四定律？你完全有理由认为，没有这个定律也是可能的。然而我相信很可能存在这个定律，从长远观点来看，生物圈总是在尽可能地变得多样化，总是在按下一时刻所能发生的事件来扩大它们的多样性。换句话说，平均而言，生物圈总是在尽可能快地扩大它们自身的维数。

自主主体的共同构建行为同样适用于经济学领域，适用于经济学基础、经济增长、适应性公司的发展等，它们在公司生态系统中共同演化，其动力学所呈现的规律几乎与生物的生态系统所呈现的规律完全一样，有着大大小小的熊彼特（Schumpeter）

^① 作者认为，在宇宙的其他地方也存在生命，也形成了生物圈，也应该有一套它们自己的生物学理论。 - 译者注



的“创造性破坏”(creative destruction)风暴,淘汰了古老的物种和技术,引入了新的物种和技术,这些新的物种和技术不可预言的特征正好是宇宙无限创造力的反映。

如果我们不能预言生物圈的位形空间,那我们又怎样能预言宇宙的位形空间呢?不过,这个问题与广义相对论的时间有关。在与李·斯莫林(Lee Smolin,量子引力和宇宙学家)的合作中,我产生了一个很新的想法:宇宙是怎样选择了它自己的法则,就像生物圈那样构建了它自身的?

《科学新领域的探索》并不是常规的科学。我当然也知道常规的科学是什么。我先前的两本书《秩序的起源》(*Origins of Order*)和《宇宙为家》(*At Home in the Universe*,编者注:该书已由湖南科学技术出版社出版)就是一个例子。前一本书旨在举例说明生物学的自组织过程,并建议我们应该将生物学的两个秩序源——自组织和选择——融合起来重新创建演化理论。在这两本书中我还谈到了适应度景观、共同演化的雪崩、基因调节网络不可预期的有序行为、混沌边缘、生命起源与地貌形成的模型以及一点经济学。

我从未期望能出版《科学新领域的探索》这本书,也没指望能找到我一直在努力寻找的答案。完成《科学新领域的探索》这本书后,我仍对我所说的深感疑惑,尽管我相信我是正确的。

我想,《科学新领域的探索》将会使我们对书中所提到的内容有一个全新的理解,并让大家知道怎样将我们的世界联系起来。我想,《科学新领域的探索》提出了一个新的科学领域,它要求我们重新定义“知其然”和“知其所以然”、科学和艺术直至最终的科学和文明。

在此衷心感谢阅读过本书手稿并对书中结构提出过宝贵意见的所有同事们,他们是:菲尔·安德森(Phil Anderson)、桑德



拉·布莱克思莉 (Sandra Blakeslee)、鲁门·波里索夫 (Roumen Borrisov)、文斯·达利 (Vince Darley)、比尔·麦克里迪 (Bill Macready)、弗拉迪米尔·马克翰科夫 (Vladimir Makhankov)、李·斯莫林 (Lee Smolin)、彼得·韦尔斯 (Peter Wills)。还是套用那句老话，书中错误在所难免。我还要感谢牛津大学出版社以及牛津大学出版社的编辑柯克·简森 (Kirk Jensen)，感谢他们长期以来的支持和鼓励。

斯图亚特·考夫曼

于圣菲研究所，新墨西哥城



目 录

> 致读者	1
> 译者序	1
> 前言	1
> 第一章 广义生物学绪论	1
命运的足迹：天体生物学的诞生	10
分子多样性	13
生命是复杂化学网的一种突发性集体行为	20
进化论的怪事	22
生物圈的法则	28
> 第二章 生命的起源	32
生命起源的标准模型	32
实验的自动催化组	42
> 第三章 自主主体	64
定义的转移和定义的模环	65
自主主体	69
自然游戏	93



> 第四章 繁殖组织	102
麦克斯韦妖	108
功	120
传播功	123
记录	129
> 第五章 物理语义学	135
知其所以然	136
语义学	138
知	141
伦理	145
> 第六章 突现和故事——超越牛顿、爱因斯坦和玻尔	148
自主主体的阶层系统	149
宇宙的套件	157
适应、有意识的演化以及生物圈位形空间的不可有 限预言	162
永恒的创造性	170
> 第七章 不可各态历经的宇宙：新定律的可能性	176
实际与相邻可能	177
宇宙的不可各态历经性	179
相邻可能的形式化	183
进入相邻可能的历史性膨胀与定律的启示	185
生物圈相邻可能的增长界限	190
> 第八章 生物圈共同构建的候选法则	198
候选定律之一：动力学混沌边缘	199
候选定律之二：群落集聚可达到自组织临界状态	235



候选定律之三：适应度景观与有机体共同演化到自 组织临界状态	242
候选定律之四：以自组织临界方式向相邻可能的 膨胀	259
> 第九章 持续创新的经济圈	263
一般竞争均衡理论和它的局限	265
理性预期与其局限	273
自然理性是有限的	274
技术图与经济网	278
稳定的可构建性	289
可解性问题中的相变	292
> 第十章 共同构建的宇宙	305
宇宙的复杂性	308
量子力学和经典性	311
外行们的困惑	315
广义相对论的时间问题	317
自旋网络	318
大尺度经典限制的突现	321
自我选择定律和自然常数	323
对弦论的简单说明	326
研究量子引力消相干的自旋网络法	329
共同构建的复杂性	332
> 后记	334
> 人名索引	337



第一章 | 广义生物学绪论

在 1944 年这样一个战火纷飞的年代，20 世纪一位著名的物理学家在都柏林（Dublin）发表演讲，从此拉开了现代生物学的帷幕。作为量子力学最基本的公式——薛定谔方程的发现者，薛定谔享有很高的声望。他的公众演讲以及随后出版的一些书籍也相应地受到了高度重视。但是谁也没有料到后来所发生的事情，甚至包括薛定谔本人在内。薛定谔的《生命是什么》（*What is Life*）一书竟然鼓舞了整整一代物理学家和生物学家去探寻生命系统的本质特征。薛定谔把量子力学、化学以及当时仍很不完善的“信息”都引入到生物学中。他是我们理解 DNA 和遗传密码的先驱。然而尽管薛定谔的洞察力如此深邃，我却深信他并未把握住最为核心的东西。《科学新领域的探索》就是为了探寻这个核心，并希望能发现一些前所未有的东西。

在我先前的两本书中，我论证了进化远比达尔文所假想的要丰富得多。以达尔文的遗传变异为基础的现代进化理论，即通过自然选择来保持适应性变化，往往把选择看做是生物有机体的惟一秩序之源。但是雪花精致的对称结构告诉我们，没有自然选择的帮助，秩序也能产生。《秩序的起源》和《宇宙为家》给出了很好的理由认为有机体中绝大多数的秩序并不仅仅只是反映了选择，不论是生命自身的起源，还是从一个受精卵发育为一个新生



儿的完美秩序，都可说明这一点。事实上，我认为有机体中绝大多数的秩序是自组织和自发的。今天这样一个生机盎然的生物景观就是自我组织与自然选择以一种几乎不可理解的方式相融合而产生的，因此，我们必须扩展进化理论。

然而我们需要一些远比拓宽进化理论更重要的东西。不管在我先前的两本书里做了怎样合情合理的解释，也不管其他人做了怎样尽善尽美的工作，甚至包括分子生物学在过去的30年里所取得的辉煌成就，我们要知道，生命的本质仍是一团迷雾。的确，我们已经知道了分子团的运行机制，知道了代谢途径，知道膜的生物合成方式——我们知道其中的许多部分和许多过程，但到底是什么使一个细胞活着我们却仍不清楚，这一直是个谜。

1994年12月，在薛定谔的《生命是什么》发表整整半个世纪之后，我开始整理我的“科学新领域的探索”笔记，这是一项我以前所从未面临过的智力工程。尽管维特根斯坦能够突破他所长期从事的有关逻辑原子论的哲学传统，完成著作《哲学研究》，但我认为我比他更需要勇气，一想到此，我立即回到我的圣菲研究所的办公室，一边高兴地念着，一边在键盘上敲着“科学新领域的探索，1994年12月”。我预感到我的漫长研究一定会揭示一些目前我们还不明了的问题。我希望通过坚持做笔记，能将一些此时仍模糊不清的观点连接成一个重大而新颖的东西。

两年后，即1996年9月，我出版了《科学新领域的探索》的一个雏形的版本，作为圣菲研究所的试行本。我把它发送到网上，然后暂时搁置一边。我发现我被带到一个完全未知的领域，并被那些新奇的问题弄得晕头转向。我曾试图把笔记束之高阁，置之不理，但一年后我还是回到了这个令我眩晕的问题。我不断地奋斗着，努力挖掘一些摆在我们面前看似正确却又很难捕捉的东西，这本书就是我努力的结果。第一章只是一个简介，在以后的章节中还会有更全面的介绍。敬请读者耐心地看着这些陌生的



术语和概念。

我的问题主要有两个。第一个问题，除了已知的热力学三大定律外，对于开放的热力学系统，是否有可能存在热力学第四定律——这个定律支配着宇宙中任何一个地方的生物圈，或者说支配着宇宙本身？另外，诸如细菌、植物、动物之类的活实体，它们为了自己的利益操纵着这个世界，比如说，细菌在葡萄糖梯度中向上游动，为的是享用“晚餐”；草履虫的纤毛有节奏地摆动着，就像罗马战船的桨一样，热心地紧随细菌之后；我们人类自谋生路。那么，我们就把这些在环境中能为了自己的利益而行动的细菌、草履虫和我们人类称之为自主主体。

我的第二个问题，也是核心问题，一个物质系统怎样才能成为自主主体？毋庸置疑，当我们这些自主主体在生物圈中共同演化时，我们也同时构建了这个生物圈。为什么以及如何会这样，正是下面我所要讨论的。

不论是起初，还是现在，我仍对《科学新领域的探索》的观点持有深深的怀疑态度。最引起争议的就是对于开放的热力学系统是否存在普适定律。争论的焦点很简单。任何计算机程序都是一个算法：给定数据，就可产生一系列有限或无限的输出。计算机程序是一串1和0的二进制符号。所有的二进制符号串都可能或为计算机程序。因此，计算机的程序有很多。有定理表明大多数计算机程序的输出没有简洁表达。当然，前提是我们必须运行程序，并观察它所输出的。简而言之，没有比运行程序自身所获得的输出能有更简洁的表达。如果用概念“法则”来表示计算机程序所输出的简洁表达，那么，对于任何这样的程序，没有一个法则可以预言在运行程序之前，程序到底会做什么。

下一步比较好懂，任何一个程序都可在诸如家庭电脑之类的普通图灵计算机（Turing machine）上实现。不过，计算机是一个开放的非平衡热力学系统，很显然，它的开放性是指计算机必



须通过插头和电线与电源相连才能工作。因此，我认为所有可能的非平衡热力学系统都不存在普适定律，我觉得这个结论是确凿无疑的。

那为什么我又说开放的热力学系统存在普适定律呢？当然，这个普适定律不是对所有的开放性热力学系统都成立的。

请听我解释。要知道，是我们人类构想并制造了组装一台计算机所需要的复杂集成芯片和逻辑门，是我们人类为计算机编了程序，也是我们人类设计了提供电源的全部电网以运行计算机，这些 20 世纪技术的汇集不能自行组合，是我们人类完成的。

另一方面，没有谁设计并构造了生物圈。生物圈是通过自主主体的突现和持续共同演化而自我构建的。如果对于所有的开放性热力学系统不存在普适定律，那么，对于一个在热力学上是开放的但能自我构建的系统来说，比如说生物圈，是否存在普适定律？我相信答案是肯定的。说真的，在这本书所要讨论的候选法则中，只有热力学第四定律符合这样一个自我构建系统。

大致描述这个候选法则就是，生物圈最大化了自主主体长期构建的多样性，以及自主主体为了繁殖自身而不断谋求生存的方式的多样性。换句话说，生物圈在不断地均衡地增殖下一时刻所能发生的事件的多样性。事实上，我们以后将会看到生物圈可能在持续增大它们自身的维数，并使其“最大化”。

因此，《科学新领域的探索》将集中探讨自主主体的本质特征——自主主体的共同演化构建了这个生物圈。一想到为了自身利益而操纵这个世界的自主主体的特征，我就仿佛步入了迷宫。也许就是这些特征把握住了生命本身的定义，一个不同于薛定谔所发现的定义。

直截了当地说，我认为自主主体是能够完成至少一个热力学功循环的自我复制系统。书中的大部分内容将围绕这个尝试性定义的内涵给予展开。



在尽力弄清自主主体是什么之后（这个问题涉及到功循环的概念），我开始思考功本身、限制以及作为能量的有限释放的功等这些概念。大家都知道，功经常用来构建能量释放时的限制，而限制又可进一步地形成功。因此，我们而临着一个良性循环：功产生限制，而能量释放时的限制又要求做功。这也是“组织”这个全新概念的核心，这里的“组织”不是我们以前所说的仅指物质、能量、熵或信息。于是，我开始对以下两者的关系产生了疑惑：一个是宇宙或生物圈中限制条件的突现，一个是能量的有限释放模式的多元化，能量的有限释放可以形成功，而利用功又可以构造进一步的能量释放时的限制。那么，生物圈是怎样构建了自身，或者说宇宙是怎样构建了自身？

对以上问题的思考使我想到了“麦克斯韦妖”。“麦克斯韦妖”将物质、能量、功和信息联系在一起，在物理学中占有重要地位。“麦克斯韦妖”的核心观点就是测量系统所获得的信息能用来提取功。在麦克斯韦妖所做的测量和麦克斯韦所做的测量之间，我作了一个比较，麦克斯韦妖对非平衡系统所做的测量，其特征能用来提取功，而麦克斯韦对非平衡系统所做的测量不能用来提取功。麦克斯韦妖怎么知道测量哪些特征呢？而且，原则上我们认为通过设备探测到从平衡态的偏离后就可提取功，那我们又是怎样通过设备来提取功的呢？迎风旋转的风车就是这样一种设备，通过风使叶片旋转可以获得功。通过光照，细菌的视紫红分子可以与光子发生反应获得功；而利用光的有限的能量释放，叶绿体可以生成高能糖分了。这些机制是怎样存在于广袤的宇宙中和我们生物圈中的呢？限制条件的产生以及用来产生限制条件的能量释放如同一张巨网，可这张巨网是怎样在生物圈中得以存在的，又是怎样在宇宙中得以存在的？现代物理、现代化学以及现代生物学都没有现存的答案。但是共同演化的生物圈的确完成了繁殖组织的共同构建。



有时，我会反复思考组织本身的含义，得到的结论是我们对于有些概念，如熵以及负熵——香农的信息理论（最初用来量度电话交通，随后被广为延伸）完全没有抓住关键。生物圈里正在发生的事情，是自主主体们在共同构建用于功的传播、功的限制以及功的完成的这些组织，而这些组织又进一步地传播和延伸，从而变得更多元化。

不信的话，向你的窗外望去，用心去感受，你就会发现一个繁忙的微观世界。事实上，这些小生命们已经忙碌了几十亿年了。更不用说在你的窗外，一派追逐嬉戏、弱肉强食、鲜花怒放、草木竞生的宏观生态系统。因此，我认为我们对繁殖组织缺乏理解。

而且，进化过程中一些新奇功能的突现也很神秘，如听力、视力、飞行、语言等。这些新奇事物从何而来？我很怀疑我们可以预言这些新奇事物，我也开始怀疑我们能有限地预言生物圈的位形空间。

多么不可思议的结论。在统计力学里，比如像装有气体的容器这种孤立的热力学系统，我们可以预言容器中所有气体粒子的所有可能的坐标和动量所构成的位形空间。然后玻耳兹曼和吉布斯告诉我们如何计算温度和压强这类对位形空间作平衡平均后的宏观量。因此，只要给出原理以及初始条件和边界条件，我们就可以算出其结果，这也是牛顿教我们做科学的一种方法。要是我们不能预言生物圈的位形空间，也不能根据牛顿的“微积分方法”，利用初始条件、边界条件和原理进行计算，那该怎么办呢？不论我们是否能够计算都不会阻碍生物圈中新奇事物的持续演化。然而生物圈也是一个物质系统。那么世界正在发生什么，世界将要发生什么？

我们有太多的东西值得研究，相信将来一定会有所收获。《科学新领域的探索》只是起到抛砖引玉的作用而已。



还是让我们回到薛定谔卓越的见解吧。薛定谔试图从生命定义的本质着手，他提出了这样一个关键性问题：有机体内令人震惊的秩序之源是什么？在《生命是什么》一书中，他对这个有关生命的本质特征的质疑给出了一个令人惊讶的答案。一般人们都认为答案在于统计物理——薛定谔认为这是不正确的。将一滴墨水滴在培养皿平静的水里，它就会扩散成一个均衡分布。这个均衡分布是相对于大量原子或分子而言的，而不是作用于单个分子。墨水溶液中任何局部的波动都会很快恢复到平衡状态。

统计平均真的是有机体内的秩序之源吗？薛定谔将他的论点建立在实验遗传学的出现以及 X 射线诱导遗传基因突变的最新数据之上。薛定谔通过计算这些突变的“目标尺寸”，得到一个基因至多由几百个或几千个原子组成的答案。

统计物理中统计涨落的大小是以粒子数 N 的平方根标度的。譬如，以相同方式向上扔硬币 1×10^4 次，结果大约是 50% 面朝上，50% 面朝下，涨落约为 100 (10000 的平方根)。于是，一半朝上一半朝下的标准涨落是 $100/10000$ ，为 1%。如果向上扔硬币的次数翻倍，为 1×10^8 次，涨落就是其平方根 1×10^4 ，同样，一半朝上一半朝下的标准涨落为 $10^4/10^8$ ，即 0.01%。

薛定谔得到了这样正确的结论：如果基因只是由几百个原子组成的，那么，由统计力学所得到的统计涨落就太大了，以至于遗传性根本不可能发生。而且自发突变发生的频率也会比现已观测到的大得多。因此，秩序之源一定存在于它处。

薛定谔认为量子力学是生命的救星。量子力学保证了固体有严格有序的分子结构。晶体就是一个最简单的例子。不过，晶体在结构上太单一。原子总是有规则地排布在三维空间的格点上。如果你知道了晶体的一个最小单元内的所有原子的位置，你就可以知道整个晶体里所有其他原子的位置。这虽然有点言过其实，因为可能会出现复杂的缺陷，但这一点还是很一目了然的。晶体



有着非常规则的结构，在某种程度上可以说，晶体的不同部分都表达着同样的内容。下面将会看到，薛定谔将“表达”换成了“编码”，这是一个飞跃。有了这个飞跃，那么，一个有规则的晶体就不能编码太多的信息。所有的信息都包含于一个最小单元中。

虽然固体有序，但像晶体这样的周期性固体又太有规则，于是薛定谔便将赌注放在了非周期性固体上。他打赌，基因物质就是非周期性晶体的某种形式。非周期性的形式包含了由于某种原因控制着有机体发育的微观密码。而且非周期性固体的量子特征意味着会出现小的分离性的变化，或突变。自然选择操纵着这些小的分离性的变化并从中挑出有利的突变，正如达尔文所希望的。

50 年后的今天，我仍很佩服薛定谔的远见卓识。1953 年，当沃森和克里克提出了 DNA 的非周期性双螺旋结构后，薛定谔立即预见到什么可以阐明这个结构，并在他们最初的论文上写了一篇非常著名且易懂的评论——DNA 的结构暗示着它具有复制和编码遗传信息的模式。

50 年来，我们知道的越来越多。如今，我们知道人类基因组包含了差不多 8 万到 10 万个“结构基因”，每一个结构基因都编码着 RNA，当 RNA 转录 DNA 后，就会按照遗传密码，翻译成一组氨基酸的线性序列，然后再形成蛋白质。从薛定谔到遗传密码的建立仅仅只经历了 20 年。

除了分子遗传学令人瞩目的成就外，我们对发育生物学也有了深入的了解。人类大约有 260 种不同的细胞类型，如肝细胞、神经细胞、肌肉细胞等。每一种细胞类型都是这 8 万到 10 万个基因的不同表达方式。自 35 年前雅各布 (Francois Jacob) 和莫纳德 (Jacques Monod) 的工作以来，生物学家们才渐进地知道从一个基因转录过来的蛋白质对其他基因有开关作用。基因和其产物间相互作用的调节网络提供了引导基因组走向发育舞台的



机制。

我们离薛定谔的梦想越来越近了，然而我们可以回答他的问题——生命是什么——了吗？答案无疑是“不能”。尽管我无法立即说出为什么我相信这一点，但是我力图为其提供一种解答。《科学新领域的探索》的目的也就在于此。虽然我尚未完全把握这本书中的观点，毕竟这些材料太新而且太不可思议，很难保证让人信服。但不管怎样，当我在科研之路上蹒跚前进时，我无意间瞥见了一颗我认为的“地球新星”，我觉得有必要对它进行介绍和思考。

我万分惊讶，因为我将要谈到的内容对“生命是什么”这样一个问题提供了一种很新颖的答案，其实我从未指望能回答这个问题。我之所以惊讶是因为我被导向了一个完全出乎意料的方向——要回答这个问题，就必须从根本上改变自牛顿以来我们做科学的方法。生命的历程远比我们所想象的要丰富，而且是我们无法计算的。如果生物圈或宇宙中的变异以及位形空间不能被预先指定，那定律又有何意义？然而，我认为总有定律在其中。如果真是这样，我们得重新审视科学本身。

我将再一次地谈到自主主体的本质问题。细菌在葡萄糖梯度中向上游动，它的鞭毛马达在旋转。若是有人天真地问：“它在干嘛？”我们可能会毫不犹豫地回答：“它在进餐。”于是，无意中我们就把细菌看做是在环境中为了自身的利益在行动。似乎细菌向上游动就是为了获得它所需要的葡萄糖。也许在我们的脑海中总是挥不去达尔文的评判标准，总想展开短语“为了自己的利益”。能获得葡萄糖或其等价物的细菌比那些不具备鞭毛马达的细菌有着更高的存活率，因此，这种细菌就能被自然选择所挑选。

自主主体是物质系统，如细菌，它能在环境中为了自己的利益而行动。所有的自生细胞和有机体都是自主主体。另外还有一



些如大肠杆菌、草履虫、酵母细胞、藻类、海绵动物、扁形动物、环节动物和我们自己也都是自主主体，其最司空见惯的却又最不可思议的特征就是它们的确每天都在操纵着这个世界。比如我们游泳、攀爬、旋转、躲藏、呼吸、跳跃，等等。

细菌、酵母细胞和我们人类也都是物质系统。物理学家、生物学家和哲学家们已不再寻找赋予物质生命那神秘的生命活力，而是转向了这样一些本质的、令人困惑的问题：物质系统要怎样才能环境中为了自己的利益而行动？物质系统要怎样才能形成自主主体？我所给出的尝试性答案是：分子自主主体是能完成至少一个热力学功循环的自我复制的分子系统。

按照这个定义，所有自生细胞都是自主主体。例如，细菌通过鞭毛马达的旋转而向上游动，为的是获取食物；显然，细菌就是一个正在完成一个或多个热力学功循环的自我复制的分子系统；草履虫追逐细菌也是如此，它是为了获得它的佳肴；而腰鞭毛虫（dinoflagellate）捕获偷袭细菌的草履虫也是如此；花和扁形动物是这样；你和我也是这样。

当然，我们得花一定的时间来全面考察这个定义。我在挖掘这个定义的内在含义时发现了许多我从未预料到的问题。早期我认为自主主体一定要偏离热力学平衡态，功循环不可能在平衡态发生。这样，在本质上自主主体的概念就是一个非平衡的概念。因此，最开始自主主体这种新概念并未包含在薛定谔的答案之中。薛定谔的非周期性固体编码了有机体拉开了20世纪中期生物学的帷幕，然而如此的卓越成就也只是生物学这浩瀚沧海之一粟。

命运的足迹：天体生物学的诞生

下面我简明扼要地说一说那次大型会议。美国国家航空航天



管理局 (NASA) 有一项长远计划——宇宙生物学 (在宇宙的其他地方寻找生物)。其中最令人关注的就是“天外智慧搜寻” (简称 SETI) 和“火星探测器”。在过去的 30 年里, 他们已经做了大量的实验, 旨在发现有机分子的非生物起源, 这些有机分子就是构筑生命活系统的砖块。

1997 年夏天, NASA 正忙于整理它所称之为的“天体生物学”——就是诠释整个宇宙中其他地方的生命起源、进化和特征。天体生物学目前并不存在, 仍处在酝酿阶段。不过, 当它发展成熟后, 不论你怎样称呼它, 它都将是一个蔚为奇观的领域, 并对下个世纪的发展具有深远意义。1997 年 8 月, 召开了一个有关在南极发现火星陨石的报告, NASA 的科学家们宣称, 火星陨石上也许存在火星微生物的迹象, 这个报告只是一个初步预测, 但却激动人心, 因为它预示着天体生物学潜藏的冲击到来了。白宫组织召开了一个为期一天的“航天会议”, 我很荣幸在被邀请之列。大约有 35 位专家学者出席了会议, 会议是在旧行政大楼召开的, 由副总统戈尔主持。副总统在会议一开始就向大家提了一个相当出人意料的问题, 如果火星岩石真的蕴藏着微生物化石, 那大家会对什么结果感兴趣?

一开始大家一片沉默, 接着由古尔德给出了我们许多人都在酝酿的一个答案: “火星生命在本质上与地球生命一致, 有相同的 DNA、RNA、蛋白质和遗传密码。”如果真是这样, 我们可以设想太阳系中的生命都是从一个星球转移到另一个星球的。而且, 我们可以得出一小片火星土壤被冲进太空然后到达地球的最小转移时间大约是 1.5 万年的设想。在干燥的条件下, 孢子完全有可能存活这么长时间。

“那么,” 副总统继续道, “怎样的结果会是最令人关注的呢?” 啊, 房间里的人不约而同地说, 火星生命与地球生命完全不同。



如果完全不同，那么……

如果完全不同，那么生命是必然会出现的。

如果完全不同，那么生命一定是大量存在的，它存在于无数的恒星中，存在于太阳系中，存在于我们当今的天文学所能观测到的遥远星球上。

如果完全不同而且大量存在，那我们就并不孤独。

如果完全不同而且大量存在，那我们所居住的宇宙就有无穷的创造力来创造生命。

如果完全不同，那么，就如我刚出版的《宇宙为家》中所说，我们只是在宇宙的家中。

如果完全不同，那我们就会进入一个新的生物学领域，一个不受已知的地球生命所限制的“广义生物学”领域。

如果完全不同，就会出现一门新的科学，它旨在探索支配任何一个地方的生物圈的起源、进化、特征和规律。

广义生物学正向我们招手。如果你喜欢，你也可以叫它天体生物学。我们将面临一个巨大的挑战——什么样的性质和法则可以表征宇宙中任何地方的生物圈的特征——如果有的话。前途是光明的，我将会论证自主主体就是广义生物学的核心。

就我个人而言，那次会议使我备感荣幸，受宠若惊。显然，副总统已翻阅过《宇宙为家》一书。正是在这本书中，我提出了一个自认为很有价值的理论——复杂化学反应系统中自我复制的分子系统的形成有着很高的几率。

副总统朝我看过来，问道：“考夫曼博士，你不是有个理论说，复杂化学反应系统中生命的出现或多或少是自发的？”

“是的。”

“嗯，它是合理的吧？”

当时我感到异常激动，但也有一点尴尬，“这个理论在计算机上测试过了，但还没有分子实验给予支持。”



“可是它是不是合理的呢？”副总统坚持道。

我忍俊不禁地说：“副总统先生，如此坚定的认可我已等候多时。如果您允许的话，我愿意用它来驳斥我的对手。”

在场的人都会心地笑了。科学论据怎会如此轻易获得，还有大量的工作留待去测试我的理论。

在会上，我们中的许多人，包括戈尔先生，保持了对火星岩石的怀疑态度，也谈到了宇宙中其他地方发现生命所带来的巨大冲击。最后我们所达成的广泛一致就是，这样的发现培养了我们在充满创造力的宇宙中的集体感，它将会改变我们如何看待自己，如何看待我们在太阳系中、在宇宙中所处的位置。我认为这样的发现既令人兴奋，又具有变革性，同时又让人可以接受。

分子多样性

经过再三权衡，我决定以对广义生物学的研究作为开端，因为这项研究无疑包含了对复杂化学反应网络中集体行为的理解。毕竟，地球上所有已知的生命都是以这种复杂的化学反应网络为基础的，正是这些复杂的化学反应网络才构成了细胞的生命循环，如 DNA、RNA、蛋白质、新陈代谢、构建与破坏的链循环等。在过去的 10 年里，我们所取得的成就足以与计算机革命相媲美。我们构建了不同 DNA、RNA、蛋白质和其他有机分子的各式各样的“文库”，^① 并利用这些文库来研究复杂化学反应的性质。

为了便于理解分子多样性所带来的革命，让我们对生物圈中

^① 基因文库 (gene library)：基因文库是一套包含特定生物体所有基因的 DNA 序列，其中，不同的 DNA 序列片段分别被克隆在适当的载体上。基因文库包括由基因组 DNA 构成的基因组文库和由与 mRNA 互补的 DNA 构成的 cDNA 文库。——译者注



所有有机分子的种类作一个粗略估计。生物圈中大约有 1×10^8 种物种。人类大约有 1×10^5 个结构基因编码着许多不同的蛋白质。若假定同一物种的所有基因都是一样的，而不同物种的基因略有差别，那么，生物圈也大约包含了 1×10^{13} 种不同的蛋白质。在几个数量级的允许范围内， 1×10^{13} 可大致看做是对自然界中有机分子多样性的估计。但是，目前有产生随机 DNA、RNA 或蛋白质文库的分子多样性技术，这种技术在单个试管里就可以产生 1×10^{11} 种分子物质。

我们正以自己的聪明才智向生物圈挑战。

分子多样性领域的出现最初是为了解决药物发明中的一些问题。说来很简单，我们来考虑一种人类激素，如雌激素。雌激素通过结合一个特殊的受体才会起作用，可以将雌激素看做是一把“钥匙”，而受体则相当于一把“锁”。现在我们来产生 64×10^6 个不同的小蛋白质，每个小蛋白质称之为肽，含有 6 个氨基酸。因为氨基酸有 20 种，所以可能的六聚物的数量为 20^6 ，即 64×10^6 。 64×10^6 个六聚物肽都是候选的第二把钥匙，其中的任何一种都有可能插进相同的雌激素受体锁。如果是这样，任何第二把钥匙都有可能与第一把钥匙（雌激素）相似，它就是模拟或调节雌激素的候选药物。

为了找到这样的雌激素模拟品，可以先制取雌激素受体的许多相同拷贝，然后把它们固定在培养皿的底部，使它们同时暴露于 64×10^6 个六聚物中。冲洗掉没有黏附到雌激素受体上的肽，然后再回收掉那些黏附于受体上的肽。这样的肽就是可以打开雌激素受体锁的第二把钥匙，自然就是候选的雌激素模拟品。

这道工序还颇有成效。1990 年，密苏里大学（Missouri University）的乔治·史密斯（George Smith）用丝状噬菌体这种特殊的病毒去感染细菌。这种噬菌体是一条编码了蛋白质的 RNA 链。在这些蛋白质中，只有包装了噬菌体头部的外壳蛋白才是噬



菌体感染的部分。乔治将编码了随机六聚物肽的随机 DNA 序列克隆到噬菌体外壳蛋白的一端。于是每个噬菌体都在它的外壳蛋白基因中携带有一个不同的随机 DNA 序列，也就是每个外壳蛋白的一端都有一个随机的 6 个氨基酸的序列。在 64×10^6 个不同的可能的六聚物肽中，最初得到的“噬菌体展示”^① (phage display) 文库差不多有 20×10^6 个。

史密斯并不是通过利用雌激素受体来寻求结合在雌激素受体上的雌激素模拟品，而是利用单克隆抗体分子作为受体来寻求结合在单克隆抗体上的六聚物肽。由于单克隆抗体技术可以产生大量相同的抗体分子，于是乔治就利用这些分子来模拟受体。乔治发现，在这 20×10^6 个不同的噬菌体中，大约有 $1/10^6$ 的会黏在他的单克隆抗体分子上。事实上，乔治发现了 19 个不同的六聚物黏在了他的单克隆抗体上。而且平均而言，这 19 个六聚物只在 6 个氨基酸位置的 3 个上互不相同。所有的六聚物对他的单克隆抗体都有很强的亲和力。

这个结果很重要。噬菌体展示是许多制药公司和生物技术公司进行药物发明的一项重要内容。药物发明已经从一种艰巨任务变为一种常规工作了。这是因为工作中不仅采用了肽，而且还应用了 RNA 和 DNA 序列。分子多样性已经用来推广产生小有机分子的高度多样性，我们称之为“组合化学”^② (combinatorial chemistry)。这种方法有着很高的医用价值。既然我们已经很好地理解了人类种群的遗传多样性，因此我们希望能创造一些效力

① 噬菌体展示：噬菌体展示技术是近年来出现的一种新技术，它是将外源蛋白基因通过与丝状噬菌体外壳蛋白基因融合而将外源蛋白表达的噬菌体颗粒的表面。——译者注

② 组合化学：组合化学是用于新药合成和筛选的一种全新的方法，它打破了逐一合成、逐一筛选的模式，以合成和筛选化合物库的形式寻找和优化先导化合物，从而大大加快了发现药物先导化合物的速度。——译者注



不断增加的分子，如药品、疫苗、酶以及其他新分子结构。在下一个10年，当我们具备了制造这类分子的能力，并增加了对控制个体发育的遗传和细胞信号的理解后，我们便进入了“后基因组”时代^①。到那时，我们学会了控制基因调节和细胞信号，我们就可以通过控制细胞繁殖、细胞分化和组织再生来治疗诸如癌症、自身免疫病、退化疾病等一些病理。

乔治·史密斯的实验很让人感兴趣，而且对我们后面将要讨论的自主主体也具有重要影响。

乔治的实验可以用来证实“形状空间”的观点。形状空间是10多年前由加州大学伯克利分校的乔治·奥斯特（George Oster）和洛斯阿拉莫斯（Los Alamos）国家实验室的阿伦·皮鲁森（Alan Perelson）提出来的；同时形状空间又引申出了“催化任务空间”。我们需要从这两点来理解自主主体。

奥斯特和皮鲁森一直都在思考着人类可以创造 1×10^8 种不同的抗体分子这一现象。他们想知道这是为什么。于是他们设想存在一个七维或八维的抽象的形状空间。其中的三个维数相应于三维空间，代表分子结合部位的长、宽、高。而其他的维数则相应于分子结合部位的物理性质，如电荷、偶极矩、疏水性。

形状空间中的一个点代表一个分子形状。抗体结合其形状补体就像钥匙和锁的关系。由于抗体能识别它的形状补体的精确度是有限的，于是便存在一个波动范围。因此，一个抗体分子覆盖着形状空间中的一个“球”，球代表其形状补体。于是便有了以下结论：如果一个抗体覆盖着形状空间中的一个“球”，一个有着真实体积的“球”，那么有限数量的“球”就可以充满整个形状空间。就像有限个乒乓球可以填满整个房间一样。

^① 后基因组时代：人类基因组图谱的绘制是人类在生命科学研究上的分水岭和里程碑，标志人类基因组研究进入了“后基因组时代”。后基因组时代以功能基因组学和蛋白质组学为核心。 译者注



那么在形状空间中被一个抗体所覆盖的“乒乓球”有多大呢？奥斯特和皮鲁森认为，为了使免疫系统保护有机体不遭受病害，它的全部抗体将会覆盖形状空间的一个合理部分。蜚蠊大约有 10000 个不同的抗体分子，这是已知的具有最少抗体的物种。皮鲁森和奥斯特推测，蜚蠊的全部抗体所覆盖的部分大约是 $1/e$ (e 是自然对数的底数)，或者说是形状空间的 37%。37% 除以 10000 就是形状空间中被一个抗体分子所覆盖的体积。进一步算得，随机放置在形状空间中的 1×10^8 个这样的小球（允许有重叠）就可填满形状空间。因此，我们必须识别这 1×10^8 个抗体分子的结合部位的任何形状的大小。

因此，形状空间的概念蕴含着深刻的意义。相似的分子有着相似的形状这不足为怪，然而让人奇怪的是，完全不同的分子竟然也有着相似的形状，例如内啡肽和吗啡。内啡肽是肽激素。当内啡肽结合了大脑内的内啡肽受体后，一种快感便被诱发了。吗啡^①是一种完全不同的有机分子，也能结合内啡肽受体，产生的结果大家众所周知。更让人惊奇的是，有限个不同的分子（大约为 1×10^8 ）就可构成一个通用的形状文库。这样，尽管有着许许多多不同的蛋白质，但实际上有效的不同形状只限于 1×10^8 的数量级上。

如果一个分子与另一个分子相结合称做是完成了一个“结合任务”，那么对所有的分子结合任务而言，大约 1×10^8 个不同的分子便可形成一个通用的工具箱。因此，如果我们现在能创造拥有 1×10^{14} 个不同的蛋白质的各种文库，这已经超出了通用文库的上百万倍，那么我们确实应该认认真真地研究分子结合了。

但也可能存在一种通用的酶工具箱。酶用于催化，或者说加

^① 吗啡：吗啡是一种鸦片类毒品，通过注射及口服可产生欣快感，并产生对呼吸系统、循环系统和肠胃系统的副作用。——译者注



速化学反应。考虑一个底物分子正在经历一个反应来形成一个产物分子。物理化学家们认为底物和产物分子位于两个潜在的“能量势阱”中，就像一个小球处在两个相邻的碗中一个的底部。一个化学反应要求底物能从能量上“越过”两个相邻的碗之间的碗口。从物理上来说，要求底物的键最大限度地连在一起，并且在势垒顶部发生变形。变形后的分子叫做“过渡状态”^①。按照过渡状态理论，酶通过结合和稳定过渡状态分子，从而降低反应的势垒。随着势垒高度的增加，一个分子需要更高的能量才能跨过势垒顶部，这种分子出现的几率也会呈指数减少，因此通过酶将过渡状态稳定后，会将反应速度提高几个数量级。

再来考虑催化任务空间。催化任务空间中的一个点代表一项催化任务，一项催化任务就是结合一个反应的过渡状态。如果说相似的分子有着相似的形状，那么相似的反应也有着相似的过渡状态，也就是这些反应构成了相似的催化任务。而不同的分子也可能有着相似的形状，因此不同的反应也有着相似的过渡状态，由此构成了“相同”的催化任务。就像一个抗体能结合和覆盖相似形状的“球”一样，一个酶也能结合并覆盖相似催化任务的“球”。就像有限个“球”可以填满整个形状空间一样，有限个“球”也可以填满催化任务空间。

简而言之，通用的酶工具箱是可能的。最近的许多研究都表明这样的工具箱在实验上是可行的，甚至还发现当抗体分子与一种叫做抗原表位^②的分子相结合后，可以起到催化作用。

① 过渡状态：据过渡状态理论，每一个反应体系总是沿着它所能选择的最省力的一条反应途径进行反应。这条反应途径相应于反应体系势能面上的一条峡谷。但在这条反应途径上，一般还得越过一个（或主要的一个）势能高坡。即峡谷中势能最高的地方。处在这个势能高坡顶峰的反应体系，称为该体系的过渡状态。 译者注

② 抗原表位（抗原决定基）：抗原分子中具有特殊的立体构型和决定抗原特异性的化学基团。 译者注



给定催化任务空间的概念后，我们期望得到催化抗体。而且我们往往希望抗体分子能结合反应的过渡状态。但过渡状态只是一时的。由于过渡状态的持续时间不到1秒，因此我们并不能指望通过过渡状态本身来进行免疫。相反，我们靠的是一种类似过渡形状的分子来进行免疫，也就是说，我们用代表“相同”催化任务的另一种分子进行免疫，其效果与用过渡状态本身进行免疫一样。然后我们测试了这种结合类似过渡状态的抗体分子。对相应的反应而言，大约有1/10的抗体分子至少能起到弱催化剂的作用。

对于一个随机选择的抗体分子催化一个随机选择的反应的几率，我们可以作一个粗略估计。大约 1×10^{-5} 的抗体能结合一个随机选择的抗原表位。大约有1/10的结合了类似过渡状态的抗体能起到催化剂的作用。按照这种粗略估计，大约有 1×10^{-6} 的抗体分子能催化一个给定的反应。

这种对抗体分子的粗略估计可能高出了几个数量级。最近的实验开始致力于研究一个随机选择的肽或DNA序列或RNA序列催化一个随机选择的反应的几率。对DNA和RNA而言，其几率大约为 1×10^{-9} 到 1×10^{-12} 。如果我们现在想建立有着 1×10^{11} 个随机DNA、RNA和蛋白质分子的文库，我们必须拥有通用酶工具箱在先。事实上，对任何一个反应，只要底物和产物的分子尺度选择恰当，在这样一个通用酶工具箱里，大约存在一个或多个催化剂。

简而言之，分子多样性的主要意义就在于我们已经拥有了成千上万种不同的分子功能——有结合的、催化的、结构的，等等。

我们正以自己的聪明才智向生物圈挑战。

于是，我们开始想要阐明这样一个广义生物学，我们开始着手研究庞大的分子多样性文库的集体行为，也许生命就蕴含在这些集体行为中。



生命是复杂化学网的一种突发性集体行为

1996年夏天，我和物理学诺贝尔奖得主菲利普·安德森(Philip Anderson)陪同 NASA 来访的董事亨利·麦当劳(Henry MacDonald)博士来到了 NASA 的总部。我们此行的目的在于探讨一种新的有关生命起源的理论与实验相结合的方法，参加讨论的还有 NASA 的行政官员丹·哥登(Dan Golden)和他的同事卫斯里·亨特利斯(Wesley Huntress)博士。我很荣幸能有此次拜访。

早在 1971 年，当我还是芝加哥大学理论生物系的一名年轻的助理教授时，我便对生命起源的问题提出了我独到的见解。一直以来我很怀疑生命是否真的必须基于 DNA 或 RNA 这类核酸的双螺旋结构的模板复制。我很怀疑这个标准假设。我认为生命在本质上是有赖于自动催化的，也就是繁殖。细胞中的大多数催化过程都是通过蛋白质酶来完成的。那么是否存在某种普适规律，它可以推出蛋白质这样的催化聚合物是自我复制的呢？我们知道，蛋白质是 20 种氨基酸的线性排列。设想蛋白质的其中一个拷贝可以催化一个反应，这个反应可以将相同蛋白质的另一个拷贝的两个片段连接起来，得到完整的第二个拷贝。不妨称这个蛋白质为 A，含有 32 个氨基酸，其有两个片段，一段含 15 个氨基酸，一段含 17 个氨基酸，A 可以作用于这两个片段，将它们连接起来，使其形成一个长为 32 个氨基酸的拷贝。

既然可以假想分子 A 能从它自身的片段催化得到它自己的构成，那就不难想象两个蛋白质 A 和 B 同样具有这样的性质——A 通过连接 B 的片段，催化得到 B 的构成，以形成一个 B 的复制品；而 B 也可以通过连接 A 的片段，催化得到 A 的构成，以形成一个 A 的复制品。这样一个小小的反应系统就是集体自动催化的。其中单独的 A 或 B 都无法催化到自己的构成，只有 AB 系统



才能从 A 和 B 的片段共同催化得到它们的构成。既然 A 和 B 可以组成集体自动催化系统，那么，是否可以期望一个有着上百个甚至上千个蛋白质或肽的系统也是集体自动催化的呢？

蛋白质或类似的聚合物的集体自动催化是分子体系中自我复制的根源吗？生命一定得基于沃森和克里克所设想的模板复制吗？或者如更早的薛定谔所预期的，生命是基于非周期性固体及其微观密码的吗？就广义生物学而言，什么才是宇宙中无处不在的自我复制分子体系的本源？在这些本源中，哪一个又是最有可能的？

在由不同蛋白质组成的复杂混合物中，蛋白质可以作为将彼此连接成一个更大的氨基酸序列的候选者，那么这样的系统至少含有一个分子的集体自动催化组的几率是多少？直至 1971 年我才对此问题给出了一个初步答案。在下一章我将会继续探讨这个问题的理论和实验进展。目前最有可能的猜测就是，随着反应体系中分子多样性的增加，一定可以达到一个临界点，在临界点处，集体自动催化的自我复制的化学反应网会自发地突现。

如果这个观点是正确的，而且快速反应的动力条件能够通过束缚在膜囊泡内的复制系统的包围而维持，并能通过这样的系统而合成，那么自我复制系统的突现就很有可能会发生。概而言之，生命是大量的，是突现的。星系间、星团内到处都有它的踪迹。我们只是这拥有无穷创造力的神秘的宇宙的一分子。而且，如第二章所说，这个假设完全是可以检测的，并且现在正处于检测的初级阶段。

不论以何种方式，我们一定会发现另一类生命，它隐匿在火星岩石下，凝结在时间里，呈现在某个平静的小池塘中，或者几十年后出现在内布拉斯加州的某个试管里。我们必然会发现另一类生命。

一个有重大意义的革新正等待着我们，它呈现为无可比拟的



后现代形式，却又保持了千万年来这个地球上人类的原型。

进化论的怪事

我们并不理解进化，我们总是把它同苔藓、水果、鱼鳍以及长满羽毛的家伙联系在一起。自达尔文以来我们就一直这样认为。我们对于形态以及群系的理解可以追溯到 2500 年以前亚里士多德编纂整理的胚胎学——它最开始研究的是动物的畸形胎儿。

但我们并不理解进化。

有一个叫赫胥黎 (Huxley) 的说过（至于到底是哪一个我也不太清楚），“进化论的怪异处就在于每个人都认为他理解了进化。”这种英国的说话方式表达得真妙啊，美国人只能徒表羡慕。丘吉尔更是说得一针见血：“同一种语言分离了两个民族。”^①

进化论的怪事就在于每个人都认为他理解了进化。这一点也不假。而且这也很好理解。鸟雀们欢快地在加拉帕戈斯群岛 (Galapagos Islands) 上叽喳蹦跳着，时不时地从一个岛飞到另一个岛。大大小小的鸟喙用来啄食不同的种子。鸟喙还可以将啄来的种子喂养下一代。于是精致的鸟喙被选择了。突变是种群中遗传变异的原料。种群通过突变、交配、重组和选择来演化，以产生显著的变异，即达尔文所说的新物种。生物圈中的种系发生^②是接连不断的，“我们在这儿，我们在这儿。”鸟儿们似乎在迫不及待地向世人炫耀着在 40 亿年的历史长河中它们是 400 万年来的发展演变标本。

“我们在这儿！”

① 这里是指英国和美国。——译者注

② 种系发生：又称系统发育，指生物界或某个生物类群产生发展的历史。
译者注



但它们是怎样生于斯存于斯的呢？

这其中隐含着许多意思。首先，达尔文进化论的中心思想是“有修改的传代”（descent with modification）。它不能解释形态的发生，能解释的只是形态的修整。19 世纪后期的一位怀疑论者说道，“这就像修剪掉了所有的枝条后得到了一棵苹果树一样。”

其次，从最根本的意义上来说，生命源于何处？达尔文的研究是认为生命已经存在于此了。实际上，“生命源于何处”是以后我们所要讨论的“形态是怎样被筛选的”等这一系列问题的最根本性问题。

另外，从另一种不同意义上来说，达尔文假定了渐进论。大多数变异都只具有微小效应。选择可以淘汰掉那些不合适的变异，或许有所改进，或许有所退化，直至翅膀能刚劲有力地在高空翱翔，看一看老鹰那扇动的翅膀、那捕食的利爪。

但是渐进论本身又是从何而来的？它不是上帝赋子的，事实上，大多数突变对有机体的影响都很小。大多数突变只是具有很微小的效应，只有少数才产生显著效应。在果蝇中，大多数突变只会对刚毛数量、颜色、形状作一些小的改变。但也有少许改变可以使翅膀变成腿、眼睛变成触须、头变成生殖器。假定所有这些突变都具有显著效应，而且还假定一个极端情况，所有的突变都是遗传学家们所称之为的“致死因子”。既然这些突变都是致死因子，那么拥有这些突变的生物就不会产生后代。如果还有一些生物没有这些突变，那么这些生物又是靠什么来演化的呢？它们是谁的祖先？似乎既没有什么办法演化出它们，也不能从它们演化出什么。

进化从某种意义上来说是精挑细选了那些有能力演化的生物，然而进化也发展了它自身！达尔文的理论没有告诉我们这是为什么，我们目前的理论也不能解释这是为什么。

举另外一个例子——性。不错，它很是引人注目，而且是绝



大多数物种的绝大多数成员的注目。大多数物种都是有性的。但为什么让人伤脑筋呢？无性生殖仅需要一个亲本，可以由芽体逐渐长大成个体。而我们这些有毛发的生物则需要两个亲本，也就降低了两倍的适应度。

为什么要有性呢？我认为有性交配为遗传重组提供了机会。在遗传重组中，每一对成双的同源染色体组，一条来自母本，一条来自父本，它们两两相配，然后分离并重组并产生子染色体，子染色体的左半部分来自于其中一个亲本染色体，右半部分来自于另一个亲本染色体。

重组又被认为是进化种群中的一种有用的“搜索程序”。如遗传学家们所说的，考虑两个基因，每一个基因有两个等位基因：第一个基因是 A 和 a，第二个基因是 B 和 b。假定 A 比 a 更具有选择优势，B 比 b 更有选择优势。在没有性、交配和重组的情况下，携带基因 A 和 b 的兔子只好等待突变来临将 b 变成 B。这可能需要很长时间。但有了交配和重组后，假定兔子的母本染色体的左端携带 A，同源父本染色体的右端携带 B，让这个兔子经历重组。A 和 B 很快就可位于同一个染色体上，并传给后代。因此，要想将好的染色体 AB 组合在一起，重组将会比等待突变快得多。

不过这并不能说明重组就一定是个好主意。在分子水平上，重组过程就好像将飞机和摩托车截半，然后用螺栓将飞机的后半部分与摩托车的前半部连接起来。最后，组成的新玩意儿毫无用处。

简而言之，重组的用处依赖于达尔文所假定的渐进论。在以后的章节中我将会讨论“适应度景观”^①的概念。基本思想很简

① 适应度景观：每一个个体对其生存环境都有不同的适应能力，这种适应能力称为个体的适应度。作者将不同生物个体的适应度所组成的图像称之为适应度景观。——译者注

单。考虑一组所有可能的青蛙，每一只青蛙都有一个不同的基因型。让每一只青蛙都位于一个多维的“基因型空间”，所有相邻的基因型仅有一个突变不同。假定你能测出每一只青蛙的适应度，将每一只青蛙的适应度用高度表示，画在基因型空间。由此产生的高度便形成了基因型空间的一个适应度景观，就像阿尔卑斯山在欧洲部分形成了一个山脉景观一样。

假定在适应度景观中，突变、重组和选择能使种群演化到具有较高适应度的峰。当然并不总是如此。很容易你就会看到重组仅对平滑的适应度景观来说是一个有用的搜索过程。适应度景观的平滑性可以通过数学上的关联函数定义，关联函数是指在景观上，被一个突变分开的两个点，其适应度或者说高度的相似性。对阿尔卑斯山而言，大多数靠近的点都有着相似的高度，当然悬崖除外，但相隔 50 千米的两个点，其高度可能就完全不同了。50 千米超出了阿尔卑斯山的关联长度。

有很好的证据表明，重组仅对平滑的、高度关联的景观来说是一个有用的搜索策略，其中所有的高峰都紧密地聚在一起。一半飞机一半摩托车的重组只是由于视角是在多维空间的两个点“之间”造成的。如果两个点都位于高峰区，那么在两个点之间观察就有可能找到具有较高适应度的新的点，或者说在具有更高适应度高峰的斜坡上找到新的点。因此，在基因型空间的高峰区，进一步的突变、重组和选择能将适应性种群带到具有更高适应度的峰上。如果景观非常的崎岖不平，而高峰又没有聚集在小区域中，那么重组便是一个无用的搜索策略。

但大多数有机体都是有性的。如果因为重组是一个好的搜索策略，所以有机体才是有性的，而重组又仅对某一类特定的适应度景观才是一个有用的搜索策略，那么这些适应度景观从何而来？没有人知道。

进化论的怪异处就在于每个人都认为他理解了进化。



从某种程度上来说，进化导致了一类平滑景观的产生，从而使得重组成为了一个有用的搜索策略。

而在更广泛意义上，圣菲研究所的两位年轻科学家，比尔·麦克里迪(Bill Macready)和大卫·沃伯特(David Wolpert)提出了一个让人困惑不已的定理，他们称之为“没有免费的午餐定理”(no-free-lunch theorem)。他们提出一个很天真的设想：不论是什么问题，是否总会有某些搜索过程是“好”的搜索过程？为了阐述这个问题，比尔和大卫考虑了一种数学简化，即一组所有可能的适应度景观。简单具体地说，考虑一个大的三维空间，将这个空间分成许多个小立方体，也许边长大约是1毫米。让空间中的小体积数足够大，如大到 1×10^{12} 个。现在，将1到 1×10^{12} 个的所有整数指定给这些小体积，然后考虑其所有可能的方式。任何一种这样的指定都可看做是一个适应度景观，指定的整数代表空间中那个位置的适应度。

下一步，以某种方式从空间的 1×10^{12} 个体积中抽取 M 个相异体积，将这个过程定义为一个搜索过程。每一个搜索过程都指定了怎样抽取这 M 个样本。有一种办法是随机搜索，即随机挑选 M 个盒子。另一种方法是从一个盒子开始，抽取它的相邻，通过这些相邻的盒子逐步抽取具有更大整数的盒子。还有一种办法是先挑出一个盒子，再抽取它的相邻，然后通过这些相邻的盒子逐步抽取具有更小整数的盒子。

没有免费的午餐定理认为，对所有可能的适应度景观而言，没有哪一个搜索过程会比任何其他搜索过程要好。为什么？对所有可能的适应度景观而言，从最初的一个盒子随机搜索出 M 个样本与你逐一向上挑选出 M 个样本，其搜索过程是一样的。

这个定理一点也没错。在缺乏了解或限制的情况下，平均而言，适应度景观上的任何一个搜索程度都是一样的。

然而生命在突变、重组和选择中演变。而且这些搜索过程看



起来似乎工作得非常好。蝙蝠和蝴蝶试图使自身得到演化，而且还真的演变成了相当有特征的实体。没有免费的午餐定理使我们更加疑惑。如果突变、重组和选择仅对一类特殊的适应度景观有效，而大多数有机体都是有性的，也就是用到了重组，而且所有的有机体都可利用突变来作为搜索机制，那么这些精致的适应度景观从何而来，以至于演化可以产生如此千奇百怪的物质世界？

我想，原因就在于这里。把有机体的生态位^①看做是一种谋生方式，把谋生方式叫做“自然游戏”。显然，在过去的 40 亿年里，自然游戏与谋生的有机体在一道演化。那么，什么是“获胜的游戏”呢？自然，获胜的游戏便是胜利的有机体所玩的游戏。我们似乎都看见达尔文在颌首微笑了。但是，这到底是什么游戏呢？胜者所玩的游戏是什么游戏？

谋生方式，即自然游戏，可以很好地被有机体演化的搜索策略（如突变和重组）搜索出来并掌握，这类谋生方式便是生态位，或者说是有机体种群的多元化和形成所必须掌握的一类谋生方式。代表了适应度景观的这些谋生方式，它们可以通过有机体所拥有的搜索过程很好地搜索出来，因此这种谋生方式也是很容易得以存在的谋生方式。如果有机体在形成时，有一些谋生方式不能被探索和开发出来，那么这种谋生方式也不会得到普及。好的职位会使谋求职位的人趋之若鹜。

因此，有机体、生态位和搜索过程自我连贯的共同构建了彼此！我们创造了这个世界，并且在这个世界里我们生存着，我们能够而且已经或多或少地掌握了我们所创造的这个世界。经济圈也是如此。经济活动、公司、任务、职位、工人、技术和学习，这样一个经济网在人类演化的后 4 万年里开始得以存在。

① 生态位：生态位是指生物个体与其种群生存所必需的或可被其利用的各种生态因子或关系的集合。——译者注



进化论的怪异处就在于每个人都认为他理解了进化，但我们并没有这样认为，生物圈或经济圈正按照我们尚不知道的原理在自我连贯地共同构建着自身。

生物圈的法则

生物圈中一定存在着共同的规律。看一看英国的大宪章^① (Magna Carta)，在一片绿色草坪上，英王约翰一世在英国贵族的逼迫下不得不签署了这一大宪章。英国的普通法是通过先例 (precedent) 和决定 (determination) 来发展的，而且在日趋完善。当一个法官做出了新的决定，建立了新的先例后，新的解释可能会与原法律所触及的范围相去甚远，或者也可能十分贴近。如果每一个新的先例都改变了对过去一些判决的解释，那么普通法无论如何也不会演化到今天如此丰富的内容。相反，如果每一个新的先例都没有做出任何改变，普通法也不会发展。

因此，生物圈、经济系统，还有法律系统中一定存在着共同演化的累积机制。这种共同演化的累积一定又包含了共同演化的组织，而这种组织既能灵活地适应改变，又能坚定地抵制改变。也许从根本意义上来说，埃德蒙·伯克^② (Edmund Burke) 是对的。也许这其中真的隐藏着一些深刻的东西？一个有关共同演化的累积的定律？

也许吧。我打算从普·巴克 (Per Bak) 和他的同事们几年前所做的一个简单实验开始，即巴克的“沙堆”和“自组织临界”。

① 1215年英国贵族迫使英王约翰签署了举世闻名的大宪章 (Magna Carta)，迫使英国国王承认贵族委员会即后来的国会的权力而不独断专行。——译者注

② 埃德蒙·伯克 (1729~1792)，伯克是英国18世纪最伟大的政治思想家之一，是英国保守主义集大成者，对英国宪政、英国政党政治的发展做出过巨大贡献。——译者注



这个实验只需要一张桌子和一堆沙。让沙缓慢地滑到桌子上，沙会在桌面上渐渐堆堆积，到达某个静止角（rest angle）后，便出现了沙流向下滑落的雪崩。

继续缓慢地往沙堆上加沙，并画出流沙雪崩的大小分布。你会发现有许多小的雪崩，也有少数大的雪崩。事实上，你会得到一个很有特征的分布，即“幂律分布”。如果用 x 轴代表雪崩大小的对数值，用 y 轴代表雪崩数量的对数值，在上述沙堆的例子中，你将会在图上得到一条斜向下的直线，这便是幂律分布。其中斜率反映了雪崩大小与数量的幂律关系。

巴克和他的同事们称他们的沙崩现象为“自组织临界”现象。这里，“临界”是指沙流崩落能发生在任何长度标度上，而“自组织”则意味着系统自己将自己调节到了临界状态。

我们中的许多人已经开始将巴克的思想运用于共同演化的模型中去，这我稍后再谈。请注意，也有一些其他的解释可以说明这些数据，总的结论就是它会产生一种类似于共同演化的累积现象，产生一个带有一定幂律分布的自组织临界的生物圈，其中有着大大小小的物种形成与灭绝的“雪崩”。我们将会看到，目前最新的数据表明，物种形成与灭绝事件的幂律分布大约在 6.5 亿年前的显生宙时期便出现了。而且这个理论还预言，大多数物种形成之后不久便灭绝了，只有少数物种才能存活较长时间。这个理论表明物种的寿命分布也是幂律的。当然，也有数据给予支持。

类似的现象在经济圈中也可以发生。在技术上就会出现各种事件形成与灭绝的大大小小的雪崩。我的一位同事，布赖恩·阿瑟（Brian Arthur）很喜欢举这样一个例子：汽车的出现，使得马、马车、马鞭、马鞍、铁匠还有驿马邮递都随之销声匿迹了，而石油化工业、交通建设、汽车旅馆、快餐店以及城郊则应运而生。澳大利亚的经济学家约瑟夫·熊彼特（Joseph Schumpeter）



也谈及了这种资本主义经济的紊乱现象，并称之为“创造性破坏风暴”（gales of creative destruction）。这种创造性破坏风暴也似乎是以大大小小的雪崩形式出现的，说不定这种雪崩还是幂律的。就像物种一样，大多数公司开张不久便倒闭了，只有某些公司能经营较长时间，如瑞典的 Storre 公司已有 900 多年的历史。公司寿命的分布也是幂律的。

从普通法、生态系统和经济系统可以得知，有普适规律支配着事物的共同演化和共同构建，如生命和生计的、有机体和自然游戏的、公司和经济机遇的。也许这样一个规律支配着宇宙中任何一个地方的生物圈。

在《科学新领域的探索》一书中，我将会为任意的生物圈提出几个候选法则。在自主主体共同构建生物圈的同时，它们也一定会自己分门别类，并为了自己的利益而作用在它们自己的世界里。那什么样的原理支配着这种分类和作用呢，我猜想，自主主体在共同演化之时，每一个自主主体都做出了最多样化的可靠区别，然后当它们游泳、攀爬、捣乱、跳跃时，它们又可以采取可靠的行动。这个简单的观点又引出了如下假设：自主主体群落将会演化到超刚性（overrigid）与超流体（overfluid）行为之间的“混沌边缘”。这样一个假设利用当今的微生物群落是完全可测的。

而且，自主主体在不断地走向新奇，如新的分子、新的形态、新的行为、新的组织，等等。我把这种不断地趋向新奇看做是数学概念中的“相邻可能”（adjacent possible）。就算是在宇宙漫长的寿命时间里，我们也无法创造所有可能的蛋白质序列、细菌物种，或者法律系统，哪怕是一次也不可能。我们的宇宙是不可重复的，或者如物理学家所说，我们的宇宙是不可各态历经的。也许有规律支配着这种不可各态历经的流动。我认为生物圈控制着它进入相邻可能的速度，这个速度恰好使得生物圈中的物



种得以生存，恰好使得选择淘汰掉无用变异的速度比那些变异出现的速度略微快一些。在我们的生物圈、经济圈、技术圈中，我们控制着我们的发现速度。也许真的存在着一个适用于任意生物圈的普适定律，也就是我所期望的适用于自主主体的自我构建系统的新定律。平均而言，生物圈在以尽可能快的速度在进入相邻可能，经济圈也是如此。因此，适用于这样一个自我构建系统的热力学第四定律就是：它们要最大化它们的维数，即最大化下一时刻所能发生事件的类型数。

不可思议的是，我们也需要故事。我认为，如果我们不能预言生物圈的位形空间、变异、定律、初始条件和边界条件，如果我们不能预知生物圈，那么我们就不能按照生物圈中所发生的事情来讲述故事。生物圈需要牛顿，也需要莎士比亚。我们得重新审视科学本身。斯诺（C. P. Snow）的所谓“两种文化”^①，即人文和科学，将会找到一个不可预期、不可避免的融合。

《科学新领域的探索》将会引导我们来重新看待生物圈这样一个共同构建系统。在最后一章，我从现有的对自主主体的讨论又转向了对宇宙本身的思考。在诸如法律、宇宙复杂性、几何结构等这些共同构建的系统中，我们一定会有所启示。后记部分简明扼要地谈了一下还原论，并倡导大家能参与研究这样一个共同构建的学科领域。

① 两种文化：斯诺认为，由于科学家与人文学者在教育背景、学科训练，研究对象以及所使用的方法和工具等诸多方面的差异，他们关于文化的基本理念和价值判断经常处于互相对立的位置，而两个阵营中的人士又都彼此鄙视，甚至不屑于去尝试理解对方的立场。 译者注



第二章 生命的起源

目前，研究地球乃至整个宇宙中生命起源的一些可能的方法均取得了惊人的进展。迄今为止，已形成了一套当前仍可继续实用的“标准理论”和其他一些不太完善的观念（这些观念大都是由一些大的学术团体提出来的）。在这其中，突现成为了描述生命怎样从简单分子来组建自我的最可行的总体方案。另一方面，并不是所有的理论都支持从无生命到有生命的突现这一观念。当然也不是说，有了这样一种总体观念我们就可以知道地球上的生命是怎样出现的。

生命起源的标准模型

标准理论假定生命是基于模板复制的，多少有点像 DNA 双螺旋里所发现的模板复制。如此假设其实也很合理。图 2.1 给出了我们常见的双螺旋结构，在这个结构中有 4 个核苷酸碱基，分别是腺嘌呤（A）、胸腺嘧啶（T）、鸟嘌呤（G）、胞嘧啶（C）。沃森和克里克认为，这样的分子结构保证了双螺旋链的一端为 A，则另一端用氢键与 T 相连。同样，C 和 G 也用氢键相连。于是，如果链的一端碱基序列为 ATTCGG，则意味着另一端相应地为 TAAGCC。



图 2.1 双链 DNA 示意图。每一条链由 4 个核苷酸 A、T、C、G 排列组成，而且每一条链中的核苷酸均与另一条链中的核苷酸用氢键相连。氢键用图中的小短线表示。其中，A 只与 T 配对，C 只与 G 配对。这样，每一条链中的核苷酸序列便规定了另一条互补链中的核苷酸序列。

此处，碱基的非周期序列类似于薛定锷的非周期性固体和他的微观密码。碱基序列是任意的，这既是薛定锷的观点，也更是当代分子生物学的核心思想。由于碱基的任意性，按薛定锷比较喜欢的说法就是，序列表达了不同的内容，携带着信息。事实上，这些任意的碱基序列的确携带着遗传密码。3 个碱基构成一个密码子，64 个三联体密码中有 61 个决定了常见的 20 种氨基酸，剩下的 3 个指定为翻译的终止密码子。将某段密码子序列从起始位点翻译到终止位点，就会产生信使 RNA (mRNA)，再将 mRNA 从起始位点翻译到终止位点，便可得到氨基酸的线性序列，氨基酸按一定的顺序排列便组成了蛋白质。

大多数生物学家包括我在内都认为，与其说 DNA 双螺旋支持碱基序列可以任意排列的说法，还不如说“遗传密码”携带着遗传信息，并且遗传信息通过突变和选择构成了地球生命进化的基础。1953 年沃森和克里克就发现，双螺旋结构蕴含着它具有复制模式。因为每一条链上的碱基序列规定着另一条链上的互补序列，如 ATTCGG 就必须对应 TAAGCC。有一套复杂的蛋白质酶（包括 DNA 聚合酶）可以帮助复制 DNA。它们先解开双螺旋，然后随着聚合酶沿其中一条链的移动，逐步将游离的核苷酸组成其互补链，于是便复制了 DNA。



最后，DNA 就会非常漂亮地呈现出绕着它的中心对称轴的对称形态。当然并不是所有的非周期性固体都可形成双螺旋结构。事实上大多数非周期性固体根本不能聚在一起。不过，DNA 的“表亲”——RNA，还有其他类似 DNA 的聚合物也是可以形成双螺旋结构的。正是分子的对称结构才使得不论两条链的序列排布是怎样的，总可保证 A 与 T 相对应，C 与 G 相对应。对称性使得碱基的任意性与模板复制相一致。

大多数生物学家都觉得这奇迹般的双螺旋非周期性结构简直就是化学家和上帝预先设置好了的，它天生就是生命的主要分子。

如果是这样，那生命的起源必定基于某种双链的非周期性固体的形式。

其实，不论生命是怎样开始的，或许是从地球上的非生命开始的，或许是在早期的红色星球时代从火星上开始而后又被抛向地球的，或许是在星际物质时代从宇宙空间的深处产生而后被运送到地球上的，总之如果生命的起源是基子类似 DNA 双螺旋结构的模板复制，那很可能找到这样的实验条件，其间，DNA 双螺旋、RNA 双螺旋、DNA 单链、RNA 单链或类似的高分子聚合物都可随意复制自身。并且按照这个假设，薛定谔的 DNA 或 RNA 链的非周期性固体最好在缺乏某种特定的蛋白质聚合酶的条件下复制自身。

为什么在这种生命起源的标准模式中，类似 DNA 链的复制要在缺乏某种蛋白质聚合酶的条件下进行——这种蛋白质聚合酶能将原有核苷酸序列催化为新合成链，就像 DNA 或 RNA 复制时一样？因为在现代细胞中，蛋白质的合成需要各种各样的转录器置，以及从 DNA 到 mRNA 到蛋白质的遗传密码的翻译器置。而且转录过程也需要蛋白质酶。更糟糕的是，从 mRNA 到蛋白质的翻译过程也少不了蛋白质。这是因为蛋白质酶能用特定的转移 RNA 分子（tRNA）“运载”特定的氨基酸，然后 tRNA 再利用



其“反密码子”识别相应的 mRNA 上的密码子。于是氨基酸便会按一定顺序在 mRNA 上排列起来，最后通过另一种 RNA 结构即核糖体合成蛋白质。因此，现代细胞用蛋白质作为复制 DNA、RNA 和蛋白质时的聚合酶，并通过 tRNA 蛋白质得以构建自身。细胞用 DNA 和 RNA 中的碱基序列规定蛋白质中的氨基酸序列，再用核糖体将氨基酸连接起来形成特定的蛋白质序列。如此纷繁复杂的合成，其每一步都需要蛋白质或是 RNA 分子来催化。

事实上，现代细胞就是一个集体自动催化体，在这个集体自动催化体中，DNA、RNA、遗传密码、蛋白质，还有新陈代谢将某些分子的合成与其他一些“高能”分子的分解交织在一起，共同催化复制整个细胞所必需的全部反应。当前的生命不是 DNA 成 RNA 的“裸复制”。^① 因此，如果生命从根本意义上说真是基于携带了遗传信息的 DNA 或 RNA 序列的简单的裸复制，那么 DNA 或 RNA 序列的复制根本不要蛋白质酶。

但这是不可能的。没有谁成功地获得了这样的实验：一个 DNA 或 RNA 单链，能将游离的核苷酸一个接一个地连接起来，使其与单链互补，然后将这些游离核苷酸的连接物催化形成第二条链，再将两条链分开，于是便进入了另一个复制循环。这根本就行不通。

正如斯科利普 (Scripps) 研究所的杰瑞·乔依斯 (Gerry Joyce) 所说，大多数试图解决这样一个 DNA 或 RNA 链问题的人，都会被如此艰巨的任务吓倒。假想有一条 RNA 链的任意序列，AUAUAUCUCGGGCUUU (RNA 中用尿嘧啶 U 代替了胸腺嘧啶 T)。我们希望将互补的核苷酸的 U 与 A 和 G 与 C 用 3'-5' 磷酸二酯键连接起来。^② 但问题来了。第一，核苷酸在热力学上满

① 复制只依靠 DNA 或 RNA 链，不需要蛋白质酶的催化。——译者注。

② 第一个核苷酸的 C 3' 位羟基与第二个核苷酸的 C-5' 位的磷酸以磷酸二酯键结合。——译者注



足 2'-5' 磷酸二酯键，于是便会将两个核苷酸的错误原子连在一起；第二，在不断增长的新链的任何一个连接过程中，亦即上述 RNA 链的互补链 UACUAG...，只有 4 个核苷酸中正确的一个才能连接到增长的链中来，其余的 3 个都不行。增长链中任何一个处于末端的核苷酸都是如此，因此，我们的 RNA 序列就必须从 16 个可能的反应中专门挑选出 4 个来。从化学上来说，酶通过结合过渡状态来挑选反应（见第二章）。由此而产生的被催化的反应与未被催化的反应的速度之差就构成了从 4 个反应选 1 个的选择性。要想使得从 16 个反应中选出 4 个具有高度的选择性，这是一项非常艰巨的任务。

30 年来许多的优秀化学家做出了不懈的努力，但最后得出的结论是，如斯克利普研究所的莱斯里·欧格尔（Leslie Orgel）所说，目前不可能得到 DNA 序列、RNA 序列或类似的聚合物——它们能将游离的核苷酸连接起来，形成一个互补链，然后再将两条链分开，再形成互补链，依此循环，创造一个自我复制的分子系统。

当前，获得单独起作用的 DNA 或 RNA 的自我复制模板毫无意义。焦点仍停留在这些闻名遐迩的多核苷酸的“表亲”身上，也许这样做是可以成功的，当然，获得 DNA 或 RNA 的自我复制模板也可能成功，只不过对于自我复制的分子系统的探索要转向其他方向。

核酶^①（ribozyme）这种 RNA 分子也能起催化作用，这在 10 年前就发现了，并且当时还震惊了整个生物界。差不多一个世纪以前，人们就知道蛋白质能催化反应，蛋白质是由 20 种氨基酸排列组成的，氨基酸能折叠成复杂的紧密的三维结构。直到发

^① 核酶：核酶是一种具有酶活性的 RNA，它能够破坏基因的 RNA 而抑制特定基因的表达。具有自我剪切和催化性质。——译者注



现了核酶，人们才知道所有的酶都是蛋白质。但是单细胞有机体，如四膜虫（*Tetrahymena*），其基因有着奇特的性质。四膜虫有一段额外的 DNA 片段，称为“内含子”（introns），它编码了 RNA 内含子的额外片段。在 RNA 转录中，内含子位于外显子（exons）之间，将外显子分开。在将 RNA 翻译成蛋白质之前，一些催化过程会将内含子移接，然后将相邻的外显子连接起来，构成一个成熟的 mRNA，然后就可将 mRNA 翻译成蛋白质了。一般情况下，带有核的真核细胞中的基因都有内含子-外显子结构，但是像细菌这种原核细胞中则没有，并且，催化了内含子的移接的催化剂通常就是 RNA 内含子自身！

因此，RNA 分子能够催化反应，而且 RNA 分子也能携带遗传信息；因为许多病毒的遗传物质是 RNA，不是 DNA，所以它更是责无旁贷地这样做。于是，生物学家们的手头上便有了这样一类 RNA 分子，它能储存遗传信息，完全类似于薛定谔的微现密码的现点，同时它也能在遗传密码的基础上，起到催化作用，去执行它的指令。

似乎让人觉得 RNA 才是生命的真正的主要分子。这导致了当今的“RNA 世界”假说——在地球生命的早期阶段，复制和演化的分子系统几乎完全是由 RNA 和一些小分子组成的，没有 DNA 或蛋白质。按照这种观点，DNA 仅是作为一种寄生物才反客为主的。蛋白质以及由核苷酸三联体所形成的遗传密码，都是后来以某种目前仍不清楚的产生机制出现的。

现今可以通过两种截然不同的途径获得“纯 RNA”的复制的分子系统。两种方法都很可信。其中一种是由哈佛医学院的杰克·佐思塔克（Jack Szostak）完成的，不过我却更喜欢第二种方法。

1990 年，杰克·佐思塔克与得克萨斯大学的安德鲁·艾灵顿（Andrew Ellington）合作完成了一篇令人瞩目的论文，并发表在



《自然》上，他也因此而备受尊崇。杰克和安德鲁设计了一种生物化学上的柱管，也就是一种玻璃试管，每一个柱管都装了一种不同的小有机分子，有机分子能与柱管中的基质相结合。这些柱管用来通过柱层析法^①对分子进行分离和分析。他们获得了许多随机的 RNA 序列的“文库”，每一个文库大约有 1×10^{13} 个不同的 RNA 序列，每一个 RNA 序列又差不多由 100 个核苷酸组成。他们将这些文库倒入了每一个柱管中。比如有一个柱管中装有小分子 A，如果有任何 RNA 序列能与 A 成基质结合，它都能维持这种结合，然后柱管滤掉那些没有与基质或 A 结合的 RNA 序列。当冲洗掉没有结合的 RNA 序列后，杰克和安德鲁改变了化学缓冲液以松开仍结合着 RNA 序列的化学键，并让这种缓冲液通过柱管，以“洗脱”掉结合了有机分子 A 的 RNA 序列。将这些结合了 A 的 RNA 序列扩增，并且每个复制上百万份，再让这些扩增后的文库通过相同的柱管。经过几次这样的选择扩增循环后，杰克和安德鲁从中挑出了 1×10^5 个不同的 RNA 序列，每个都能结合柱管中的分子 A。

杰克和安德鲁把他们这种结合的 RNA 序列叫做“适体”^② (aptamers)。他们由此而得出的结果也会让你震惊不已。第一，以上的实验过程是可行的。人们可以找到能结合各种分子目标的 RNA 序列。第二，各式不同的 RNA 适体都能结合 A。因此，有许多序列的形状都与 A 的形状互补，即许多 RNA “钥匙”都可开启同一把锁。第三，一个长 100 个核苷酸的随机 RNA 分子结合一个随机选择的 A，其几率为文库中发生了结合的 RNA 序列

① 柱层析法：将固定相装于柱内，使样品沿一个方向移动而达到分离。在分离分析特别是蛋白质的分离分析中，柱层析是相当重要且相当常见的一种技术。——译者注

② 原文为 aptomers。经译者查阅资料，觉得应为 aptamers（适体）。适体，能与有机化合物或蛋白质等配体专一、高效结合的 RNA 或 DNA 片段。——译者注



除以最初文库中所含的 RNA 序列，约为 $10^5/10^{13}$ 即 $1/10^8$ 。反过来，这就意味着，如果一个文库含有 1×10^8 左右的 RNA 分子，它就至少能产生一个能结合给定的目标分子（如 A 分子）的 RNA。因此，从这个实验可以看出，文库只有含有 1×10^8 左右的 RNA 序列，它才可以成为能结合任意的目标分子的通用 RNA 工具箱。而且经粗略估计，人体的全部免疫系统包含了差不多 1×10^8 个不同的抗体分子。记得乔治·奥斯特（George Oster）和阿伦·皮鲁森（Alan Perelson）曾给出过这样一个结论，人体的全部免疫系统几乎是一个能识别并结合任意分子形状 A、B、C 的通用工具箱。非常有趣的是，这两种情况都给出了一个相同的数字—— 1×10^8 ——来作为结合的通用工具箱所要求的种类数。

如果通过 RNA 序列结合任意的小分子是可能的，那么被 RNA 分子催化的是什么？使得 RNA 催化一个选定的反应有多难？杰克·佐思塔克和大卫·巴特尔（David Bartel）设计了一个精致的过程来选择能催化一个给定反应的 RNA 分子。他们也的确找到了这样的分子。粗略估计，一个随机选择的 RNA 序列催化某个指定反应的几率比结合的几率要小 1×10^5 倍。也就是说，对于随机的 RNA 分子，其催化几率大约为 $1/10^{13}$ 。

为了起到催化的作用，催化剂必须结合反应的底物和产物，而且必须结合代表了过渡状态的发生了变形的分子位形。于是，若想预先选择一个 RNA 序列的文库，它能结合一个给定反应的底物和产物，那么，这些发生了结合的 RNA 序列中，只有万分之一的 RNA 序列能催化这个给定的反应。最近，通过使用随机多肽表明，找到能催化一个给定的反应的多肽要更容易一些，其几率约为 $1/10^9$ ，而不是 $1/10^{12}$ 。

这使我们想到了杰克·佐思塔克目前正在开展的一项工作——形成一个自我复制的 RNA 分子。杰克所要寻找的 RNA 分子，能作为聚合酶，能沿着任意的单链 RNA 分子滑动，能通过



3'-5'磷酸二酯键将增长链末端的核苷酸与将要加入的核苷酸连接起来，能复制单链 RNA 分子。由于 4 个核苷酸中只有正确的一个才能连接到增长的链中来，因此 4 个核苷酸中的每一个都得经历 4 个反应才能找到正确的 1 个，因此杰克的聚合酶必须从正在被复制的单链中，能识别每 4 个反应中正确的 1 个，也就是从 16 个反应中挑选出 4 个来。

杰克·佐思塔克必定会成功。按照假设，杰克所要寻找的 RNA 分子能复制任意的 RNA 分子，自然也能复制它自己。因此，杰克一定能创造一个自我复制的 RNA 分子。

这是艰苦的探索，我认为它一定会引起广泛关注，但它并不是生命起源的核心。我如此认为是因为：这样的分子看起来很复杂，而且偶然产生这样的分子所需的时间也很长，甚至比地壳冷却、生命出现所经历的上亿年时间还要长。也许我的担心是多余的，因为大量的分子就出现在这上亿年的时间里。

不过更让我关心的是，就算这样的分子系统出现了，它又是否能演化。任何的酶在催化反应时都会出错。假设杰克·佐思塔克的分子在复制自身时出了差错，由此而产生的突变分子可能会错上加错，当它们作用于最初杰克的那些完好的分子上时，无疑会给不断突变的核酶笼罩一层阴影。反过来，这种错误会继续发挥作用，当它们再次作用于杰克·佐思塔克那些完好的或发生了突变的分子上时，又会导致更多的突变分子。大家可能会立即联想到莱斯里·欧格尔 (Leslie Orgel) 所说的差错致灾 (error catastrophe)。分子系统突变自身与后代的速度比自然选择纠正这些错误快得多，因此分子系统中的所有信息将会逐渐消失，系统最终会破坏掉它自己。

而且值得注意的是，活细胞似乎不可避免地被组织成一个“整体”。细胞并不是仅由一种能复制自身的分子组成的，而是由各种各样的分子所组成的整体，是整个细胞在繁殖着自身。于是



便出现了新陈代谢、细胞膜和细胞器，还有从DNA到RNA到蛋白质的中心法则，其中遗传密码只是一个中介，通过用来转移酶的氨酰基转移酶，特定的tRNA可以携带特定的氨基酸，从而翻译了遗传密码，同时这些遗传密码又能创造氨酰基转移酶自身。由于高能的分解可以为产物的合成提供自由能，所以，该过程中隐含着各种各样的能量流动。

经过验证，活细胞是一个集体自动催化系统。单个的分子不能复制自身。那么，这个“整体”是什么样的？非得用到整体论的观点吗？这些错综复杂的分子网络要怎样才能呈现出细胞的核心内容？

在任何的“裸复制”基因理论中，比如常说的多核苷酸的复制，没有酶，也没有杰克·佐思塔克在那里自得其乐地细数着RNA聚合酶“AAUGGCCAAUCCCC…”，生命的起源自然也简单多了。就让裸复制分子自己去存在，然后再编织出一个生物圈来。

到目前为止，我们还没有回答细胞的整体网络从何而来，以及这个网络是否是绝对必需的。你看，就算是最简单的自生系统，如PPLO支原体，又称类胸膜肺炎微生物，存在于绵羊的肺中，它也有膜、DNA、遗传密码和大约300种不同的基因以及转录和翻译机制、新陈代谢、能量流动等。

裸基因理论的优点是简化了生命的起源。但它却不能回答，为什么自生细胞的复杂性最小。我认为最小复杂性是客观存在的。要想将各种能够复制和演化的微小生物组装成一个具有诸多分子功能的更复杂的生物，我想这其中是需要存在一个最小复杂性的。为了能从原始生物演化出生物圈丰富多彩的复杂性，可能一开始就需要某些功能存在。事实上，几年前数学家冯·诺依曼(von Neumann)就意识到，需要存在最小的复杂性，以创造一个能复制和加深复杂性的系统。

在以下的章节里，我将会用集体自动催化组这个有力的理论



阐明以上观点，因为集体自动催化组必然会导向具有最小复杂性的整体论。

实验的自动催化组

目前已经在实验室获得了自我复制的分子系统。它由德国弗赖堡大学(the University of Freiburg)的生物化学家冈特·冯·凯厄卓斯奇(Gunter von Kiedrowski)创造。冈特认为，一个从3'端到5'端的单链DNA六聚体，如3'CCGCGG5'，也许它能结合碱基，并将碱基排列成其互补链的两个三聚体——5'GGC3'和5'GCC3'(如图2.2)。一旦六聚体使这两个三聚体挨在了一起，正如冯·凯厄卓斯奇所希望的，那么，也许这两个三聚体的贴近还可以通过3'-5'磷酸二酯键的帮助来加速这两个三聚体发生结合的反应。如果是这样，那么新连接而成的六聚体5'GGCGCC3'将与最初的六聚体3'CCGCGG5'一致，如果均从3'到5'方向读取的话。

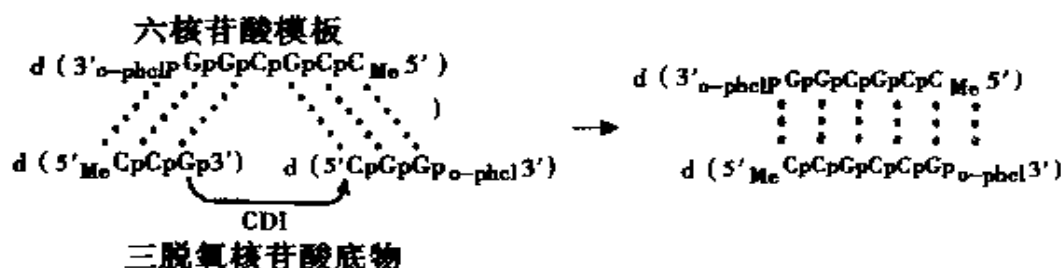


图 2.2 单链 DNA 六聚体 3'GGCGCC5' 的自我复制。两个 DNA 三聚体相连接后便构成了 DNA 六聚体的一个复制，而这个连接反应是通过六聚体自身来催化的。下标“P”表示通过磷酸二酯键将相邻核苷酸连接起来的磷酸盐。

事实证明的确如此！此后不久，莱斯里·欧格尔和他的同事们设计了一个更简单的例子，一个单链 DNA 四聚体，3'CGCG5'，使两个二聚体 5'GC3'和 5'GC3'彼此相邻，然后催化



了这两个二聚体发生连接的反应，得到了它自身的一个拷贝。

通过这些例子，人们自然会联想到自动催化的单分子——六聚体催化了两个三聚体的连接，从而得到了自身的一个拷贝；四聚体催化了两个二聚体的连接，也得到了自身的一个拷贝。如果把自动催化的分子叫做 A，我们可以说，A 通过催化 A 的两个片段的连接，然后得到了一个 A 的拷贝。

对于两个不同的分子 A 和 B，是否也可以催化彼此的构成呢？若 A 从 B 的片段催化得到了 B 的构成，而 B 从 A 的片段催化也得到了 A 的构成，那会出现怎样的情况呢？图 2.3 给出了一个集体自动催化的催化系统。在一个集体自动催化系统中，没有分子可以催化自己的构成，但是将这组分子作为一个整体，它们就能从输入的分子里催化出它们自己的拷贝。在以上例子中，A 和 B 是集体自动催化的，输入的分子是 A 的两个片段和 B 的两个片段。

这也是由冈特·冯·凯厄卓斯奇设计完成的。他创造了两个单链 DNA 六聚体 A 和 B，其中 A 可以催化 B 的两个片段的连接以形成 B，而 B 也可以催化 A 的两个片段的连接以形成 A。

这些最初的实验暗含着以下两点信息：第一，复制分子系统并不需要通过添加单个的核苷酸 A、U、C、C、G、G、C…，才能得到初始单链 RNA 分子 UAGGCCG 的模板互补物。事实上，在冈特的实验中，DNA 六聚体是通过连接彼此相邻的两个 DNA 三聚体而形成的，而不是添加了单个的核苷酸。第二，集体自动催化的 A 和 B 共同催化彼此的构成是完全可行的。既然 2 个分子 A 和 B 可以是集体自动催化的，那 3 个分子，或 10 个，100 个，10000 个，甚至 1 个细胞为什么不能是集体自动催化的呢？事实上，细胞就是集体自动催化的。

如此说来，生命根本不必基于模板复制，而是基于更深层次的催化原理——催化闭合。也就是说，在一个自动催化组里，所

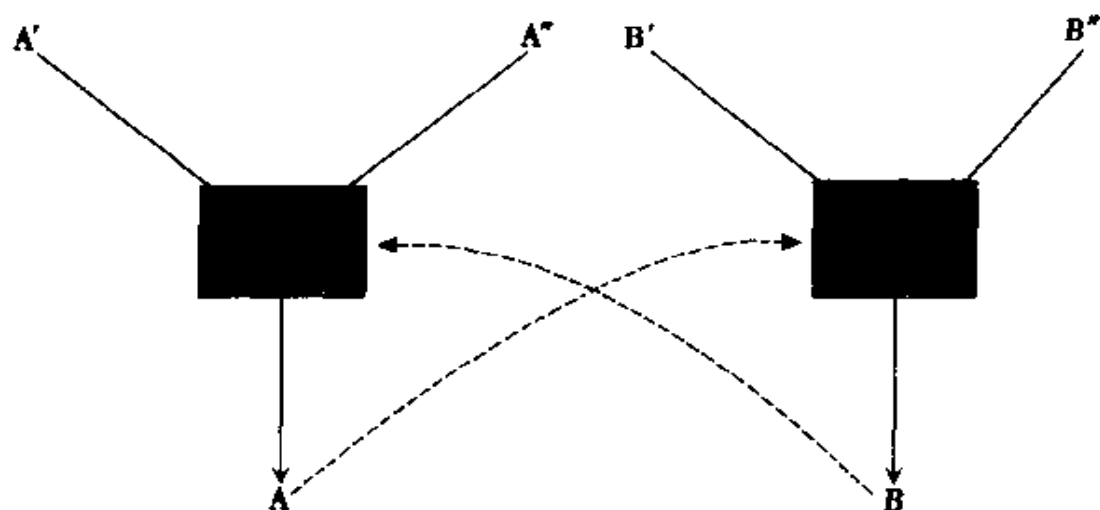


图 2.3 假设的集体自动催化组。聚合物 A 可能是一个多核苷酸，或是一个短链蛋白质。A 通过两个片断 A' 和 A'' 尾端与尾端相连形成。同样，聚合物 B 也是通过两个片断 B' 和 B'' 尾端与尾端相连而形成。从 A' 和 A'' 到小方盒的线以及从小方盒到 A 的线代表了从 A' 和 A'' 到 A 的连接反应；从 B' 和 B'' 到 B 的线也一样。从 A 到 B 反应盒的虚线以及从 B 到 A 反应盒的虚线分别代表相应的催化反应。于是，A 催化了从 B' 和 B'' 形成 B 的连接反应，B 也催化了从 A' 和 A'' 形成 A 的连接反应。整个系统是集体自动催化的。

有分子的构成都是被催化形成的，而且催化其形成的分子也一定在这个组里。所有的“催化任务”都得完成，以保证这个组是集体自动催化的。这种整体论的观点并非神秘莫测，它只是分子集体自动催化组的一个客观的显然的性质。

因此，我所持有的基本观点就是，生命基于分子的集体自动催化组，而不是模板复制。而且我还认为，在各种各样的化学反应中，分子集体自动催化组的实现不仅是可能的，而且几乎是不可避免的。

那么，多核苷酸的优越性在哪里呢？DNA 或 RNA 是自我复



制中必不可少的吗？其他聚合物是否也能进行自我复制？自从沃森和克里克发现了双链 DNA 的模板对称以来，大家都很清楚分子是如何复制自身的，那蛋白质却是怎样复制自身的呢？所有的蛋白质都像血红蛋白一样折叠成了紧密的三维结构。这种结构复制的机制是什么？

如果想一下子就能复制出血红蛋白的结构，估计很难实现，但是如果把血红蛋白的次序列（即片段）连接起来构成一个完整的血红蛋白序列，那会怎样呢？如果集体自动催化组完全基于蛋白质，让蛋白质通过复杂的连接反应来催化彼此的构成，这可能吗？

雷泽·葛哈德瑞（Reza Ghadiri）和他的同事们做出了惊人的发现。他们都是斯克利普研究所的一群杰出的化学家，他们于 1996 年 8 月在《自然》上发表了一篇有关自我复制的蛋白质的文章。图 2.4 给出了葛哈德瑞的例子。一个长 32 个氨基酸的序列，我们称之为 A，它通过将它的两个片段线性连接起来，催化得到了它自身的一个复制。32 个氨基酸序列折叠成 α -螺旋， α -螺旋再次折叠回来就可形成一个“卷曲（coiled coil）螺旋”的结构。葛哈德瑞和他的同事们推测，由于 α -螺旋可以折回来，然后结合自身，因此，这样一个序列可以结合它自己的两个片段。由于相邻两个片段之间肽键的形成需要能量，葛哈德瑞玩了一个小小的化学把戏，他让一个片段是亲电性的（E），另一个片段是亲核性的（N）。他们把含有 32 个氨基酸的肽叫做“模板”（T）。T 使 E 和 N 彼此与之相邻，再催化 E 和 N 的连接，然后得到了 T 的一个拷贝。实验非常成功。葛哈德瑞和他的同事们表示生命是基于蛋白质的，也许仅仅只基于蛋白质。

在接下来的工作中，葛哈德瑞和他的同事们精心制作了类似 T、E、N 肽的“汤”，其中，模板 T_1 不仅能催化 E_1 和 N_1 的连接以形成 T_1 的拷贝，而且也能催化 E_2 和 N_2 的连接以形成 T_2 。

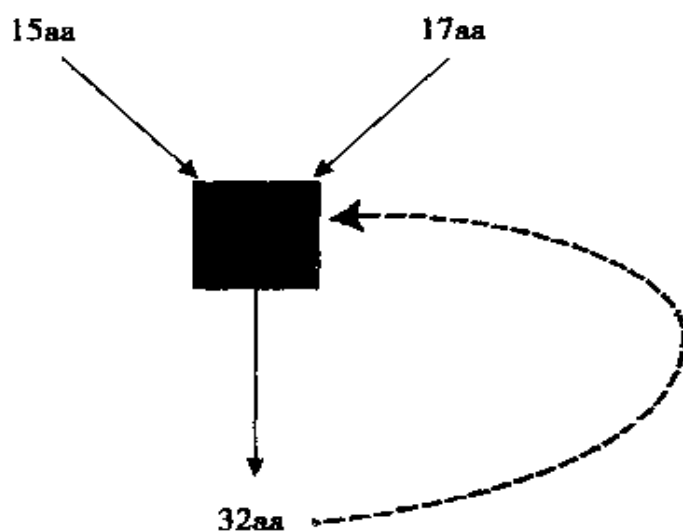


图 2.4 葛哈德瑞的长为 32 个氨基酸的自动催化肽。长为 32 个氨基酸的肽催化了它自身的两个片段（一个长为 15 个氨基酸，另一个长为 17 个氨基酸）形成它自己的连接反应。这是第一个自动催化肽的例子。

同理， T_2 不仅能催化 E_2 和 N_2 ，也能催化 E_1 和 N_1 ，而且还能催化其他 E 和 N 的片段。

简而言之，在所列举的各种事例中，几乎都是自动催化肽和交叉催化肽的复杂反应。举例来说， A 可以催化它自己的构成以及 B 的构成，而 B 也可以催化它自己的构成以及 A 的构成，这都是在一种“超循环”的催化结构中完成的，超循环是由荣获诺贝尔桂冠得主曼弗雷德·艾根（Manfred Eigen）和彼得·舒斯特（Peter Schuster）于 1977 年提出来的。葛哈德瑞和他的同事们所研究的就是肽的超循环的第一个例证。在集体自动催化组中， A 和 B 可以相互催化彼此的构成，却谁也不能直接催化自己的构成，不过也许这在不远的将来可以实现。毕竟，冈特·冯·凯厄卓斯奇已经用一条单链 DNA 六聚体得到了一个集体自动催化的 AB 系统。



葛哈德瑞的实验为我们研究复杂化学反应中自我复制的分子系统开启了一扇门，其中反应的底物和产物均为肽。按照分子多样性，如果我们可以产生 1×10^{12} 左右的随机的 DNA、RNA 和蛋白质序列，这就意味着我们能随心所欲地创造复杂反应。既然 DNA、RNA 和蛋白质都能结合甚至催化其他聚合物的反应，因此我们没有理由不去探寻 DNA、RNA 和蛋白质的自动催化和集体自动催化系统。

当然，我们也没有理由不去探寻线性聚合物的自我复制系统。斯克利普研究所的朱利叶斯·雷贝克 (Julius Rebek) 就创造了一个复杂有机分子的异构二聚体，如以杯芳烃^① (calixarene) 为基础的自我复制分子系统。

因此，用美国的俗话来说，自我复制的分子系统已经成形 (a done deal)。

现在是什么情形？

现在我们似乎知道得很多：

我们发现了广义生物学存在的线索，以及宇宙中生命存在的更广阔基础；

我们思考着地球上生命起源的新概念；

我们研制着以自我复制的、能演化的分子系统为基础的新兴技术；

我们正艰难地探索着地球上所出现的每一颗“新星”……

而探索过程中尤为重要的一步就是，如果一个化学家能精心研制出一个自我复制的分子系统，如果真的可行的话，什么样的原理构成了这种自我复制系统的自发形成的基础？如果葛哈德瑞能够建立一个自动催化肽，或是一个集体自动催化的肽反应网

^① 杯芳烃：杯芳烃是一种新的模拟酶，具有环状和洞穴结构，有极强的配位能力。 - 译者注



络，那这样的系统是否可能无意中组建了自身？难道生命真的蕴藏在这些规律之中吗？

我提出了一个新的见解，其中生命就像诺贝尔文学奖得主、爱尔兰诗人叶芝（Yeats）笔下粗陋的牲口那样，生命降落到伯利恒（Bethlehem）——我们所有生灵的圣母临产了。

我只是想说，生命是复杂化学反应网络的突现性质。在一般情况下，随着系统中分子多样性的增加，分子的集体自动催化组的形成几乎是不可避免的，而且相变也会随之发生。如果真是这样，我们可能起源于分子多样性，诞生于第二代恒星^①时期。

不妨让我用一个很有趣的例子来开始我们以下的讨论，纽扣和纱线。在硬木地板上有1万颗纽扣和一卷红色纱线。你随意捡起两颗纽扣，并剪下一段红线将这两颗纽扣系起来，然后如此重复。并且随意捡起的两颗纽扣中，其中一颗可能已经结成了对。每隔一段时间就停下来随手拿起一颗纽扣，看有多少其他纽扣与它结对，以此作为一个单连接的聚集（cluster）的纽扣。

现在奇迹出现了。最初，当这1万颗纽扣还只是结成了几对时，如果你随意拿起一颗纽扣，或许它还是它自己，并未与其他纽扣连在一起，或许它已经与一小簇纽扣连在了一起。然而，当你不断地系扣子时，纱线与纽扣已系在一起的比率也会随之增加，聚集在一起的最大的纽扣簇也会增加。在这个过程中，会在某个时候出现适中数量的聚集在一起的扣子簇，在这一点上，只须再增加些许的线就恰好能使许多不同的适中的扣子簇连成一个“巨扣子簇”（图2.5）。

简而言之，当纱线与纽扣的比率从0开始增加时，一开始只有几簇连在一起的纽扣。如果用描点法画出纱线与纽扣的比率增

^① 太阳就是第二代恒星。第二代恒星和第一代恒星最大的不同在于元素的组成。第二代恒星含有98%的氢和氦，2%的各种重元素，而第一代恒星只有氢、氦和极少量的锂等轻元素，不含重元素。——译者注

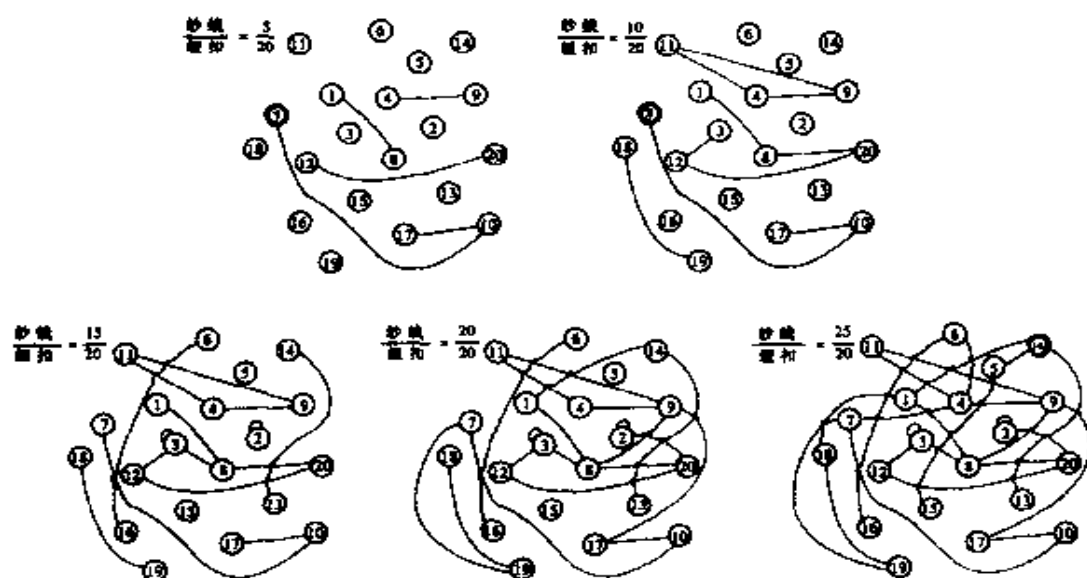


图 2.5 连接网络的具体例子。20 粒纽扣（用圆圈表示）通过不断增加的纱线（用线条表示）随机相连。当纽扣数量较大时，随着纱线与纽扣的比值的增加，当这个比值超过了 0.5 时，大多数的点都将会连接到一个“巨扣子簇”中去。而当这个比值超过了 1.0 时，各种不同长度的闭合线都将会出现。

加时聚集尺寸的大小（图 2.6），不难发现，聚集尺寸起先并未增加多少，后来才快速地增加到“巨扣子簇”。当不断地系着随机的扣子对时，慢慢地，大多数剩下的纽扣都会连接到“巨扣子簇”中来。

现在要做的是魔术般地去创造一个相变。如果纽扣的数量很大，有上百万或者更多，那么在纱线与纽扣的临界比值处，从小簇到巨簇的相变坡度将会发生陡变。临界比值为 0.5，即纱线的两个端点数与纽扣数相等。

纽扣和纱线的例子，学名叫“随机图”（random graph）， τ 是由匈牙利的数学家爱尔特希（Erdos）和瑞尼（Renyi）于 1959

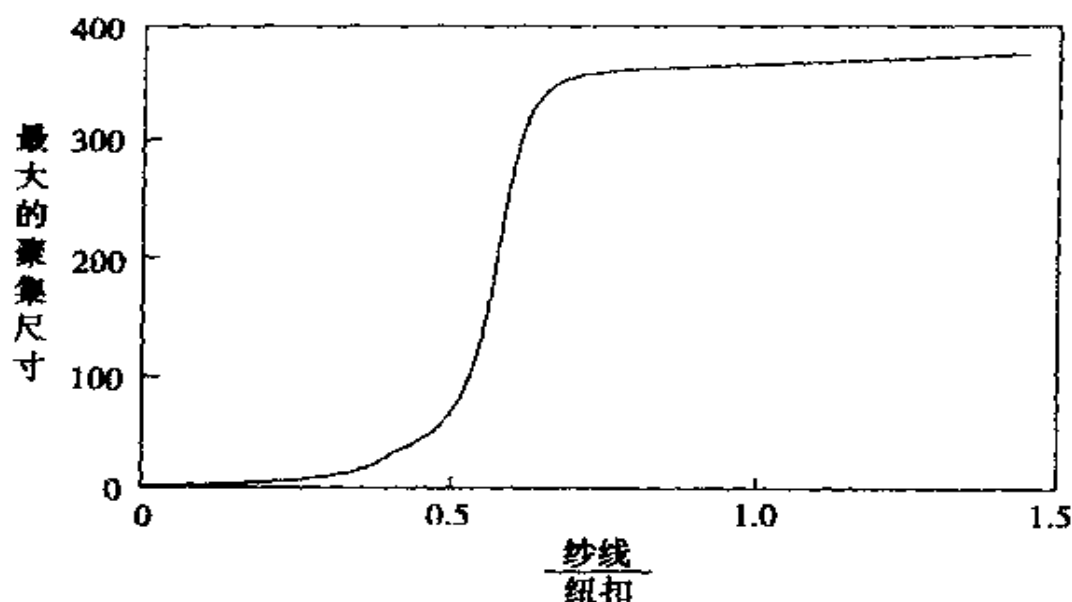


图 2.6 相变。在随机图中，随着纱线（线）与纽扣（点）的比值的增加，最大的聚集尺寸的大小也会随之增加。一旦纱线与纽扣的比值超过了 0.5，聚集尺寸就会出现相变，达到“巨扣子簇”。在这个实验中，纱线的数量从 0 变到 600，而纽扣的数量固定为 400 不变。

年首次提出的。不过在你的脑海中得剔除这样的观点，由一系列点和线所构成的图中，相变一定会发生。当随机图的连接度增加时，在连线与端点的临界比值处，会突然产生一个大量相连的聚集网络，这里的连接度是指连线与端点，即纱线与纽扣的比值。

我坚信，化学反应系统中“巨连接组元”的相变也必定构成了分子的集体自动催化组突现的基础。既然我们已经弄清了纽扣和纱线的例子，那化学反应系统的例子就不言而喻了。

化学反应系统的关键在于理解“化学反应图”。我想，即便你不是化学家也应该知道，在化学反应中，原子或分子作为底物参与反应，然后经历底物发生改变的转化过程，最后得到产物。我们把化学反应简单的分类为：一个底物一个产物的反应；一个底物两个产物的反应；两个底物一个产物的反应；两个底物两个



产物的反应；多底物或多产物的高级反应。

常见的“一个底物一个产物的反应”是异构反应，底物和产物的不同之处在于分子的某些原子围绕某个单键发生了旋转；常见的“一个底物两个产物的反应”是裂解反应，将一个聚合物分成了两个片段，比如，一个 RNA 序列， $3'CCCCGGGG5'$ ，裂解成两个产物 $3'CCC+CGGGG5'$ ；“两个底物一个产物的反应”是上例的逆反应，两个片段 $3'CCC+CGGGG5'$ 连接成一个产物 $3'CCCCGGGG5'$ ；而“两个底物两个产物的反应”就是两个 RNA 分子 $3'CCCC5'$ 和 $3'GGGGG5'$ ，在内部某点处均发生断裂，然后通过重组，就可得到产物。重组时，第一个聚合物的左端先与第二个的右端相连，然后第一个聚合物的右端再与第二个的左端相连，如此就形成了产物 $3'CCGG5'$ 和 $3'GGGCC5'$ 。

请注意，在我们所假定的“两个底物两个产物的反应”中，两个底物均由 5 个核苷酸组成，并都参与了反应，得到的产物中，一个由 4 个核苷酸组成，一个由 6 个核苷酸组成。

与连接纽扣和纱线（或端点与连线）的随机图相比，反应图略有不同。将 1000 个 RNA 序列作为反应的底物和产物，用三维空间中的点表示（图 2.7 和图 2.8）。用“超线”（hyperedge）将反应的底物和产物连接起来，超线包含了从底物到反应以及从反应到产物的连线，其中反应用方盒表示。为方便起见，用标有箭头的连线表示从反应到产物的连线，以区别底物和产物。我要强调的是，加上箭头仅是为了简便，并不代表化学反应进行的方向。所有代表底物和产物的点以及代表反应的方盒，还有它们之间的连线，一起构成了化学反应图。

原则上，对于任何一组原子和分子，完全可以构建这一组分子发生耦合反应的反应图。然而大家要注意的是，反应图并不能告诉我们化学反应进行的方向。化学反应图中物质流动的方向只能通过图中每一个超线相对平衡态的偏离加以判断。这里化学平

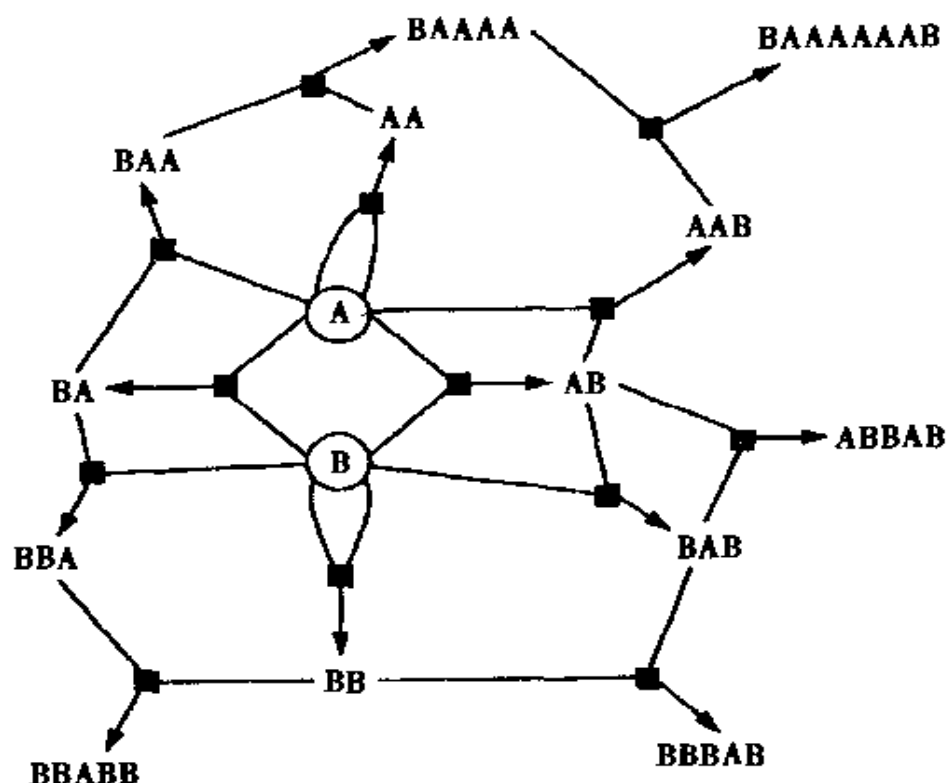


图 2.7 从纽扣和纱线变换到化学反应图。在这个假定的化学反应网络中（又称之为反应图），小分子 A 和 B 可以结合形成大分子 AA、AB 等，而这些大分子又可以结合形成更大的分子 BAB、BBA、BABB 等。同时，这些大分子可以分解为小分子。只要发生了反应，都有线从两种底物连到小方盒，小方盒代表反应。从反应方盒到产物的线用带有箭头的线表示。由于反应是可逆的，因此箭头只是意味着从化学反应的一个方向上区分了底物和产物。由于有些反应的产物又是下一个反应的底物，因此整个反应连成了一张网。

衡的观点比高中化学所讲的略微深一些，但本意不变。比如，对于一个底物一个产物的化学反应，A 和 B 存在于孤立的密闭容器中。开始时，容器中只有 A 且 A 的浓度很高，于是 A 就会以正比于 A 的浓度的速度转化为 B，随着 B 的浓度的增加，B 也会以正比于 B 的浓度的速度转化为 A。在某个时候会出现 A 转化为 B

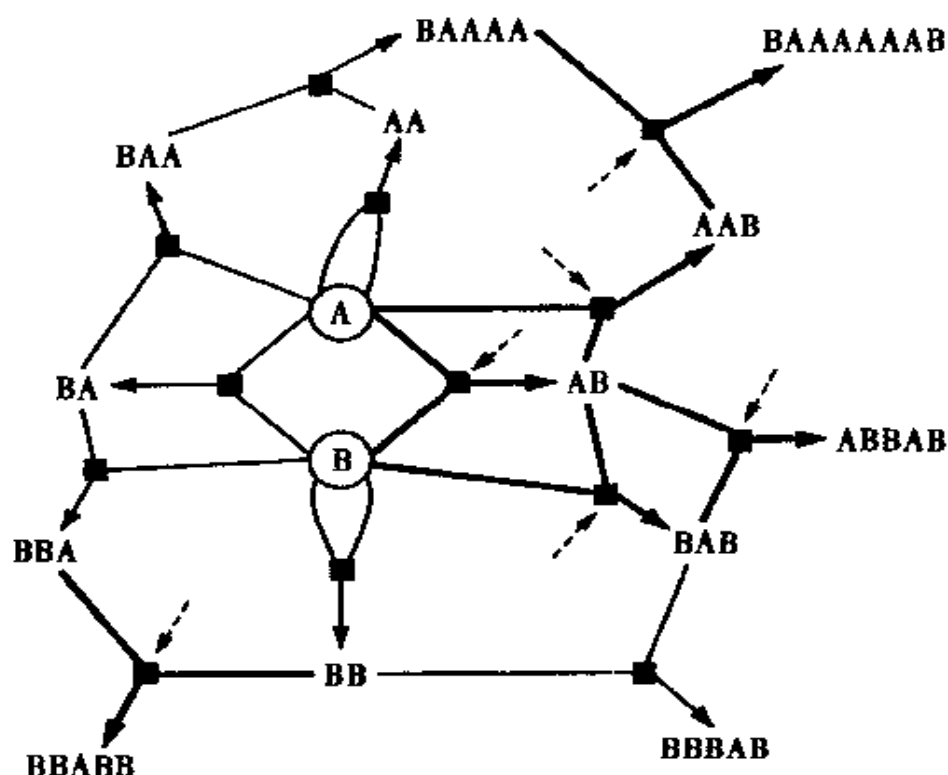


图 2.8 分子催化反应。在图 2.7 中，我们假定所有的反应都是自发的。如果加入催化剂加速了某些反应的反应速度，结果会怎样呢？在这个图中，带有箭头的虚线所指向的反应方盒就是催化了的，也就是图中用粗线连接了底物和产物的反应是被催化了的。于是我们便得到了一张带有催化反应的反应图。

的速度与 B 转化为 A 的速度相等，此时 A 与 B 的浓度之比就代表了化学平衡。虽然还会有个别的 A 分子转化为 B，或者 B 分子转化为 A，使得 A 和 B 的浓度会有一些小小的波动，但最终它们还是会慢慢地回到平衡比率，容器中不会存在单独的 A 或 B。化学反应总是自发地趋向化学平衡。

在一个开放的热力学系统中，由于有物质和能量的增加，因此，化学反应图也是开放的。比如，在反应容器中，最初只存在上千种 RNA 序列，当我们不断地从外界向容器中加入某些特殊



的 RNA 序列时，我们也必须不断地从容器中除去某些序列。也就是说，我们若以恒定的速度持续向容器中加入 RNA 的 4 个核苷酸 A、U、C、G 时，我们也必须同时不断地从容器中除去 A、U、C、G 或它们的聚合物，除去的速度正比于它们的浓度。恒化器可能是最恰当不过的例子。我们以恒定的速度向缓冲液中加入 A、U、C、G，再以恒定的速度从容器中除去缓冲液与分子的混合物，同时又以相同的速度将新的缓冲液加入到混合物中来。在其他的实验中，我们还可以考虑跟踪这样一个开放系统中 A、U、C、G 进入聚合物的情况，只须将 A、U、C、G 标有放射性，然后在不同的聚合物中寻找这些放射性即可。这样的实验可以跟踪物质流动的情况，从 A、U、C、G 加入到开放系统中直到系统中许多反应的许多产物的形成，我们都可知道。如果我们在反应图中的某个（些）点上加上质量，我们就可知道反应图中的质量是怎样流到其他点上的。

现在，我们再来研究分子的集体自动催化组的自发突现，它是产生“巨组元”的另一种相变，类似于纽扣-纱线图。到目前为止，我们已经描绘了所有的反应都未被催化的化学反应图，如图 2.7 所示。图中的每一步反应都以自己的速度在进行，并通过超线趋向于达到底物与产物的浓度的平衡比值。但是自发反应的速度要么很快，要么很慢，事实上，自发反应的速度有赖于将底物与产物分开的能量势垒的高度。

物理化学家们想到了在能量坐标中研究反应，因为能量坐标可以反映具有一定位形的分子的总能量。总能量包括底物中的键能以及键长和键角的变形、熵等。总的来说，底物和产物被认为是静止在能量势阱中（图 2.9），而过渡状态的分子位形则发生在从底物到产物的过程中，过渡状态的分子位形可以含有一个或多个分子，这些分子有着变形的键和很少见的空间排布。由于有这些变形，与底物或产物的能量相比，过渡状态必须发生在更高的



过渡状态的能量上。从底物到产物的能量势垒高度不同于从底物到过渡状态的势垒高度。反过来，从产物到底物的能量势垒高度也不同于从产物到过渡状态的。事实上，如果从底物和产物到过渡状态的能量高度不同，那么在这两个方向上的“反应速度”也不同，谁与过渡状态的能量差别小，谁的反应速度就快。

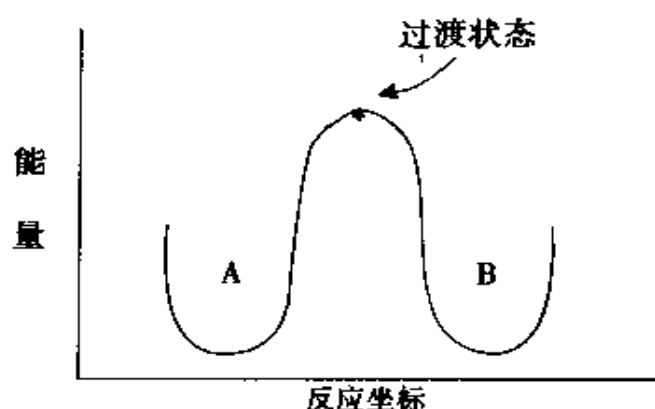


图 2.9 两个化学物质 A 和 B 位于它们各自的能量势阱中，被一个势垒所分开。过渡状态发生在两个能量势阱之间的能量势垒的顶端，用“*”标出。

酶和催化剂可以加速趋向化学平衡的化学反应，但不改变化学平衡。按照过渡状态理论，如第一章所讲，酶先是结合过渡状态，然后再稳定过渡状态。这种稳定降低了过渡状态的能量，亦即降低了从底物或产物到过渡状态的能量势垒。反过来，这种能量势垒的降低又加速了从底物到产物或从产物到底物的反应速度。因此，催化剂就是如此加速化学反应的。并且，从底物到产物与从产物到底物的反应速度都增加了相同的倍数，因此底物与产物的浓度的平衡比值不变。

如果在无催化的反应图中（图 2.7），某些反应被催化了，我们将这些被催化了的反应的超线标记为红色，相当于用红色纱线连接纽扣一样。在图 2.8 中，我们将被催化了的反应用粗线条表



示，而不是标记为红色。我们把能够描述被催化了的反应的反应图称为“已催化”（catalyzed）反应图。

现在我们来讨论相变。在反应图中随机地挑选超线，并将它们标记为红色，表示这些反应都被催化了。最初这些红线很分散。若是随机地挑出一个底物，便可清楚地看出有多少其他底物与之直接相连，或通过代表催化的超线与之间接相连。随着越来越多的超线被标记为红色，开始只是孤立的红线，然后相邻的超线变或了红线，然后越来越多的一系列相连的超线变成了红线。在某个时候，红线彼此相连的“巨组元”就会出现。简而言之，最初大多数反应都未被催化，随着被催化的反应与底物和产物的比值的增加，相变也随之产生。而且反应的“巨催化超线”将底物和产物连成一个庞然大网。

一旦巨催化反应网形成，那么，在反应图中某些点所加入的物质往往会旋流于巨网的快速反应之中，然后再顺着邻近的未被催化的反应慢慢流出。如果把已催化的反应看做是高速公路，而未催化的反应看做是乡村小路，那么，在反应图中的一个或多个点处所加入的物质，在从底物流向产物时，会飞速地沿着高速公路行进，而未开始催化时的反应则像悠然地顺着乡村小路散步。

怎样才可得到分子的集体自动催化组呢？分子只要具备如下性质即可。它要么作为“食物”分子从外界进入，要么在它的催化合成中，至少有一步是通过集体自动催化组中的其他成员来完成的。图 2.3 是一个最简单的例子，A 和 B 从它们的片段相互催化了彼此的构成，具有了合成时最关键的一步，其中，A 和 B 的片段是“食物”，而 A 和 B 则是催化剂。一定要明确，反应图中的分子不仅仅是底物和产物，而且也是反应的催化剂。

小菜一碟。我们知道核酶是一种 RNA 序列，它能催化 RNA 序列的裂解与连接。而且我们还知道，蛋白酶也能裂解和连接蛋白质，比如当你消化汉堡包时，胰蛋白酶就在裂解和连接蛋白。



因此，RNA 和蛋白质既能作为反应的底物和产物，也能催化有关 RNA 和蛋白质的反应。更一般的，RNA 能对蛋白质起作用，蛋白质也能对 RNA 起作用，两者都能催化其他类分子的反应，而其他类的分子也能催化 RNA 和蛋白质的反应。

催化无处不在。

要是我们能知道反应图中的哪一种分子催化了哪一种反应，我们就可以将相应的超线标记为红色，并在从催化剂到代表它所催化的反应的方盒上加一蓝色箭头，以此区别催化。如果能做到这一点，我们就可以重新研究我们的反应图，定义外加的“食物”分子，并查看反应图是否包含了一个或多个集体自动催化组。

然而，目前我们并不知道哪些“任意”的 DNA、RNA、蛋白质或其他分子催化了“任意”的化学反应图中的哪些反应。但起码我们可以做一些比较有用的预备工作，我们可以就哪些分子催化了哪些反应，提出新的模型或假设，然后在此基础上去研究反应图里是否蕴含着集体自动催化组。

我们需要很多新的观点。首先，对于像蛋白质和 RNA 这样的线性聚合物，随着系统中聚合物的多样性的增加，即它们的平均长度的增加，那么形成分子的反应数目也会随之增加得更快。

下面给出我的解释。假设有一个含 6 个核苷酸的 RNA 聚合物，比如 3'CCCCC5' 或 3'GCUUAA5'。6 个核苷酸的每一个位置上都有 4 个可供选择的核苷酸，因此长度为 6 的 RNA 序列的可能数目就是 4^6 (4 代表核苷酸的类型数)，即 4096 种。每一种聚合物能以 5 种方式从它的可能片段合成。例如，3'GCUUAA5' 可通过 3'G + 3'CUUAA5' 连接合成，也可通过 3'GC + 3'UUAA5' 连接合成，等等。每个六聚物的核苷酸之间都有 5 个内键，因此就有 5 种连接反应可以形成六聚物。

一般而言，所有的单体、二聚体、三聚体直至 RNA 六聚体，



如 A、U、C、G，AA、AU、AC…GGGGGG 都是如此。如三聚体 UAG，能以两种方式从小片段连接合成，因为它只有两个磷酸二酯键，但 UAG 也可以通过四聚体、五聚体或六聚体的 3' 端或 5' 端的裂解合成，如 UAG 能从 3'-UAGCCC5' 的 3' 端裂解合成。

总的来说，如果仅考虑裂解反应和连接反应，当 RNA 序列，包括单体、二聚体、直至 N 聚体，其多样性增加时，这些分子间的反应方式也会以更快的速度增加。事实上很容易看出，反应数与分子种数的比值在增加，并且这个比值正比于“汤”中聚合物的长度。凭你的直觉也看得出，六聚体能以 5 种方式由小片段构成，而七聚体能以 6 种方式由小片段构成……

考虑一个“两底物两产物”的化学反应，比如两个 RNA 序列，3'CCCCC5' + 3'GGGGG5'，它们经过重组后一定会得到 3'CCGG5' + 3'GGGCC5' 吗？为简单起见，假定每对不同的 RNA 分子序列只能经历一次重组反应。这样，反应的个数就等于相区别的 RNA 序列的对数。如果有 N 个不同的 RNA 序列，那么 RNA 序列的对数就是 N^2 。因此，重组反应的个数就是分子种数的平方。于是，反应的个数与序列多样性的比值就是 N^2/N ，等于 N 。不过，真正的比值会远远大于 N 。就拿以上提到的两个聚合物 3'CCCCC5' 和 3'GGGGG5' 来说，它们可以在底物的 4 个内部位置中的任何一处进行重组，因此就会经历 16 次重组，而不像上面所说的只经历 1 次。简而言之，在“两底物两产物”的反应中，反应数与分子数的比值会随着分子数的增加而迅速增加。

可以得出一个一般性结论。分子是组合体，当这些组合体的多样性增加时，它们间的反应就会以更快的速度增加；也就是说，当反应图中分子的多样性增加时，反应数（即超线）与分子数的比值会更快地增加。

随着分子多样性的增加，很可能在反应图中产生集体自动催

化组。因为每个分子都可发生许多反应，而一个集体自动催化组只要求其具备最关键的一步，自动催化组中的每个成员必须被组中的其他成员催化。

当反应数与分子种数的比值增加时，我们需要付出怎样的代价才可获得集体自动催化组？如果大量随机选出的反应都被反应图中的其他成员催化了，这时是否可能会出现集体自动催化组？

我们可以如此看待这个问题。我们不知道哪些分子催化了哪些反应，零阶最简(zeroth-order simplest)假设认为，随机指定每一个分子所催化的反应，犹如大海捞针，不太可能。比如说，假定任意的分子催化任意给定的反应的几率都是固定的。不妨假定催化的几率(probability of catalysis, 简称为 pcat)为 $1/10^6$ 。然后建立一个“已催化化学反应图”的模型，对每一个反应都问遍所有的分子：“你愿意催化这个反应吗？”肯定回答的几率是 $1/10^6$ ，这可通过计算机模拟得出。在计算机上产生位于 $0.0 \sim 1.0$ 的随机的均匀的小数，如果它小于 $1/10^6$ ，就表明回答是肯定的。如果回答是肯定的，很幸运，就可以从分子到它所催化的反应上加一蓝色箭头，并将相应的反应超线标记为红色。

于是不难得出以下结论。随着反应图中分子多样性的增加，必然会在某个时候出现反应数与分子数的比值为 $1:10^6$ ，而任意分子催化任意反应的几率为 $1/10^6$ 。因此，反应图中几乎是一个分子催化一个反应，红色超线数与分子数几乎相等。

是否会在某个点上，通过从没有连接到有连接的相变，被催化反应的巨连接之网可以产生？毫无疑问是可以的。当一个分子催化一个反应时，巨催化之网便产生了。而且在这个点上，也许系统还包含了一个或多个分子的集体自动催化组，而且很可能是巨催化反应网络使得选择输入的“食物”分子通过一系列被催化的反应后，正好形成了可以催化反应的分子。

经粗略估计，一个随机的 RNA 序列催化一个随机选择的



“两底物两产物的反应”的几率是 $1/10^{12}$ 。对于两个长度均为 $L=101$ 的 RNA 聚合物来说，将会以 100×100 种不同的方式经历重组，那么，若要产生自动催化组，则长为 101 的 RNA 序列的多样性 N 必须在 10^4 的数量级上。计算过程很简单：总的重组反应的个数为 $(L-1)(L-1)(N)(N)$ ，令其等于 10^{12} ，这是为了使得每个分子都可在组中找到一个催化剂催化一个反应，于是你便可以得到以上结论。

果真如此的话，那么自动催化组的突现并不困难，而且相对来说比较容易。将各种 RNA、蛋白质或其他底物、催化剂组合在一起，使它们处于彼此有效的连接范围之内。余下的便留给几率和数目去大显身手。图 2.10 给出了一个典型的自动催化组。

也许生命真的是复杂化学反应两络的突现性质。不过这其中也存在疑问，首先，我们得知道，我们基于 $pcat$ 的计算是否太过于粗略。事实上它的确很粗略。如今涌现了大量有关分子自动催化组中催化活动的分布的假设，大量有关反应图的统计结构的假设，这些假设都认为自动催化组往往会在某个临界多样性处突现。无疑，在这一阶段我们需要太多的理论，但更重要的是，我们需要更多的实验工作。

其次，即便上述理论是正确的，我们也还不能讨论代谢途径的突现，代谢途径可以解决驱使超过平衡浓度的分子进行快速合成的热力学问题，因为它可以将这种合成与其他化学物质分解时所释放的能量联系起来。我们把释放化学能量的反应叫做“放能反应”，需要化学能量的反应叫做“吸能反应”。活细胞中既有放能反应，也有吸能反应，这是为了形成分子的高浓度。以后我还会专门谈到这个问题，因为放能反应和吸能反应与“自主主体”的定义有着密切联系——自主主体将物质、能量、信息，甚至我们所说的生命都奇迹般地联系在了一起。

其实我只是想说，自动催化和分子复制是生命所必须的，却





有可能的裂解反应、连接反应和重组反应，一般来说，反应的产物中应该还包括“基因组”里没有出现过的分子。例如，2个六聚体重组后可以产生1个四聚体和1个八聚体，四聚体在基因组里已经存在，而八聚体却并不存在。将基因组看做是“实际”(actual)，若分子离实际只有一步反应之遥，因此还并未存在，我们把这种新的分子称做化学上的“相邻可能”(adjacent possible)。

让我们再回到生物圈上来。当前生物圈中已经存在某些分子，却还有更进一步的分子组还未曾出现，但它只需一步反应便可以从化学上的相邻可能跻身于生物圈的实际。

40亿年前，生物圈的化学多样性是非常有限的，只有几百种有机分子。如今生物圈的有机分子种类已经无法计算。事实上，阳光普照大地，万物竞相生长，这一切都使得生物圈的分子多样性在不断趋向相邻可能。

相邻可能在将来一定会占有举足轻重的地位。

分子的多样性在增加，生物圈中的物种数也在增加。与20万年前旧石器时代的人所获得的商品多样性相比，当今经济中商品和服务的多样性无异于一个天文数字。可以说，过去的40亿年里生物圈一直在不断地趋向相邻可能。而且生物圈已经并且还在继续趋向分子、形态、行为上的相邻可能。面对如此多样性如此突飞猛进的增长，我们不禁要问，其源于何处？为何如此？将要怎样？我要顺便提到的是，自从大爆炸以来，宇宙没有足够的时间创造长为200的所有可能的蛋白质。在分子、形态、物种、雪佛莱汽车、法律系统等这些复杂体上，宇宙是不可重复的，或者说是不可“各态历经”的。我斗胆预测，这种非平衡地持续向相邻可能的流动也许就是时间流逝的方向，而不是像密闭的热力学系统中第二定律所说的时间的流向。另外，我不知道是否存在支配生物圈或部分广义生物学的普适定律，它可以控制生物圈持续向相邻可能的流动。最后我想说的是，我们可以创造分子的集

体自动催化组吗？当然可以，而且冈特·冯·凯厄卓斯奇已经得到了这样的一个合成。

随着分子多样性的增加，产生集体自动催化组的几率也会迅速增加，而且这得归功于催化反应图中从没有连接到有连接这样一个相变，如此假设正确吗？就让我们拭目以待吧。分子多样性在探索新药的过程中发挥了巨大作用，我们已产生了不计其数的随机的 DNA、RNA、蛋白质以及小分子，可以肯定，分子多样性这个热门领域必将迅速转向对有成千上万种分子参与的复杂反应的综合研究。事实上，安德鲁·艾灵顿、雷泽·葛哈德瑞和笔者，还有其他一些同仁们已经向 NASA 提交了有关这方面的实验。不论是我们还是其他的人来做这项工作，我相信，无需太长时间便可在实验上从错综复杂的化学反应图中探究到物质和能量的行为，便可知道产生一个自我复制的分子系统到底有多难。

如果这些见解是正确的，那成功就近在咫尺了。也许 43 亿年前，生命就已经如此这般了，尽管那时这个由不断冷却的岩石所构成的旋转球体上还没有化学家。

广义生物学正在不远处向我们招手。



第三章

自主主体

有一颗远古的星球正沐浴在温暖的阳光之下，隐约中传来这苍穹与上帝的悄悄耳语，这可是创造的大好时机呀！随即一切的神奇便降临了。万物被孕育了，宇宙的本性被改变了，新的物质、能量、信息以及其他种种大量地涌现出来，并为了自身的利益开始主宰这个世界。自私吗？是的。但是物质、能量、信息以及其他种种奇迹是怎样变得自私的呢？而且这些奇迹们竟然组建了一个生物圈——我们甚至还可大胆臆测，这些奇迹们将会组建出更多的其他的生物圈，让宇宙呈现一派欣欣向荣的景象。

蕴藏在宇宙的诞生之中的便是生命的出现，主体与生命同在。我们都为了自身的利益在行动，不妨借鉴康德的思维方法：事物怎样才能为了自身的利益而行动？

我再次斗胆提出我的尝试性答案：自主主体是能够繁殖而且能完成至少一个热力学功循环的自动催化系统。尽管这个答案目前仍显得苍白无力，但以后我会逐步给予论证的。

不断摆动的细菌在葡萄糖梯度中向上游动，这个细菌就是一个能繁殖的自动催化系统。在它的游动中，它正在完成一个或多个热力学功循环。是否能从一些更原始的物种推出这个尝试性定义呢？我不知道。最初的几个星期，我暴跳着（这个形容很逼真）奋力探寻那些看似很有前景却又星罗棋布的性质。我这么做



只是为了精确表述一些我感知到了却还无法道明的东西。我花了4年多的时间去理解一直困扰着我的东西，而这本书仍然只道出了我的部分思想。

定义的转移和定义的循环

科学中什么是定义的转移？

暂且不讨论转移，还是先来看看那些改变了我们如何看待这个世界的一些新观念。考虑牛顿以及他那著名的 $F=MA$ ，力等于质量乘以加速度，整个看起来，这是合情合理的。在一个结冰的池塘里放一块木头，你推它，它就会加速向前运动；如果你更用力地推它，它就会越发加速地向前运动；如果是两块木头叠放在一起，你推它们，显然两块木头所获得的加速度比只有一块时要小。

“我没有作任何的假设。”牛顿如是说。然而，两个世纪后的彭加勒（Poincaré）认为牛顿如此辉煌的运动是人为定义的。彭加勒质疑道，三个变量 F （力）、 M （质量）、 A （加速度），不可能独立地定义。加速度可以通过距离、运动和时间等概念单独定义，距离随时间的改变率是速度，而速度随时间的改变率就是加速度。然而，彭加勒说，力和质量则拧成一股，彼此互为条件，要共同定义。物体通过力阻碍加速，而对物体施力则会使物体加速。

按照彭加勒的说法，等式 $F=MA$ 是一个定义的循环。许多物理学家都不同意这种看法，但我与彭加勒的观点一致，不过我可不是物理学家。

另一方面，20世纪伟大的哲学家维特根斯坦（Wittgenstein）在他的杰作《哲学研究》里也谈到了类似的问题。维特根斯坦非常痛苦地修正了他从前的研究，并最终推翻了他早期的得意之作



《逻辑哲学论》^① (*Tractatus*)。事实上我之所以如此大胆地借鉴维特根斯坦的题目，并不是我妄自尊大，认为自己与他有着相似的思想境界，部分原因在于我们有着平行的观点。维特根斯坦抛弃了他的《逻辑哲学论》，并逐渐意识到“知”只是经历一种语言游戏；而我则认为我们不能局限于牛顿所教我们做科学的方法，当我们与其他主体共同生存时，我们需要重新阐述我们所做的事。我们将会看到，以上两种观点都表现出宇宙正在发生一些不可有限预言的意味深远的事件。生命和语言游戏似乎总是在不断地创新，这种创新是无法从以前的物种和概念推演出来的。只是当我们邂逅了自主主体以及他们的神秘之后，我才得以更全面地讨论这个问题。

在维特根斯坦早期的《逻辑哲学论》中，他总结了从罗素 (Russell) 那里继承来的逻辑原子论^②。逻辑原子论希望为所有的知识体系寻求一个巩固的认识论基础，它着眼于有关“感知数据”的“原子陈述”。这种思想从休谟 (Hume) 流传到贝克莱 (Berkeley)，又传到康德 (Kant)，最后又回到了英国的经验主义。其大意是：若是你说“椅子在房间中”这是错误的，但如果你能描述你意识中的点点滴滴，就不会犯错了。你可以说：“我看到了褐色”，“我听到了音符 A 低调”。这些说法与直接道出椅子、岩石、法律系统的“外部世界”相比，被看做是记录了感知数据，这些说法很少被怀疑会出错。逻辑原子论希望通过逻辑组合有关感知数据的原子陈述来重新构建对“外部世界”的推述。

① 维特根斯坦 (Wittgenstein) 在早期著作《逻辑哲学论》中主张“逻辑原子论” (logical atoms)，即字词的意义并非在于它所指的整个复合事物 (composites)，而是简单事物 (simples)，或即逻辑原子。译者注

② 逻辑原子论：世界是由一些特殊的事物、性质和联系所组成的聚合体，而这些东西则是不可再分的微粒，当然这不是指从物质观点看的微粒，而是指从逻辑观点看的微粒，或者叫做逻辑原子。逻辑原子这一冠称源自物理学原子论的影响。译者注



《逻辑哲学论》正是要使这种设想变成现实……而且几乎就要成功了。

然而 20 年后，却是维特根斯坦本人推翻了他整个的事业。《哲学研究》是他后期的革命性创作。他为推翻这种特殊层次上的描述做了大量工作，而且为人们理解任何层次上的概念的形成都必须处在共同定义的循环之中而铺设了道路。只是牛顿诞生在他那个时代之前。

你看，就拿椅子来说，我们希望通过组合感知数据的陈述来等价地描述椅子，但这是不可能实现的。而且这种不可能与自主主体的神秘还有某些共同之处。用感知数据的陈述来取代对物体的描述，这需要有“逻辑等同”的概念。逻辑等同意味着无论在何处对椅子进行“更高层次”的描述，都必须指定一组感知数据的陈述，它们共同构成对椅子真实性描述的充要条件。譬如，“在起居室内有把温莎（Windsor）摇椅”就必须暗含着“我似乎看到了具有一定形状的褐色表面”，“我感觉到了——一个结实的表面”以及“当我推动这轮廓的顶端时，我观察到了褐色表面的来回摆动”。

然而问题是似乎不大可能有限地预先指定一组感知数据的陈述，它的真实性在逻辑上等同于对椅子的描述。如果遇到以下情况该怎么办？观察者是色盲，或盲人，或聋子，或观察者虽不在房间里，却有可能穿着平头钉靴走进来，跌落在椅子上，然后将椅子给压坏了。我们是否可以如此有限地限定：“如果是我进入到房间中，我会有这样的感知数据；如果是红绿色盲进到房间，他（她）会有那样的感知数据；如果摇椅放在柔软的地毯上，那个声音也许能被可以听到 A 低调音的聋子所听到……”要结束这段话，我们必须能有限地预先指定一组有关原子感知数据的陈述，其真实性充分而且必要地描述了卧室中温莎摇椅的真实性。

一句话，问题就出在无法有限地预言一组有关感知数据的陈



述，其真实性在逻辑上等同于对卧室中物理椅子的描述。

维特根斯坦首创了“语言游戏”的概念，即以某种新的方式看待世界的一组共同定义的概念。他设想了将法律语言翻译为不带法律术语的通俗语言：“陪审团判决汉德森犯有谋杀罪。”我们可以理解这句话，那是因为我们的脑海中已存在如下法律术语，如法、证据、法律责任、审判、有罪与无罪、陪审团、贿赂陪审团、上诉，等等。现在尽力把这句话翻译为普通老百姓的语言：12个人在一个木制的围栏后坐了数天，他们谈论着某个中毒身亡的人。一天，这12个人离开这间房子，又到另一间房子谈论所发生的事情。然后这12个人回来了，其中有一人站起来说道：“我们判决汉德森犯有谋杀罪。”

无法有限地预先指定一组老百姓的语言，其真实性充要地描述了陪审团判决汉德森犯有谋杀罪的事实。

另一个是有关英国对德宣战的例子。没有有限地预先指定此事必将发生的方式。于是可以说，一天晚茶后，女王来到议会哭诉道，“我们同德国开战了。”或者是首相在议会上宣布，“各位，经政府当局决定，我宣布对德开战！”或者是一万名来自利兹（Leeds）的盛怒的球迷，肩扛锄头，乘坐货船，渡过莱茵河，袭击了科布伦茨（Koblenz）的球迷；或者……简而言之，有关英国试图对德宣战的个人行为，没有一组可以预言此事的充要条件（在将来，就算是一个民族也无法找到某种方式与另一个民族发生战争）。

概括说来，维特根斯坦的观点就是不能将高层次上的陈述还原为低层次上一组可有限指定且充分必要的陈述。事实上，高层次上的概念一般都是共同定义的。我们可以在法律语言游戏中理解“谋杀罪”，当然我们也可以在一组共同定义的概念中，如法、法律责任、证据、审判、陪审团，来理解“谋杀罪”。

在共同定义的概念中会出现一些有用的新概念。彭加勒可能



会说， $F=MA$ 是一个定义的循环，这是件好事，因为共同定义的循环是概念之网的核心，而许多概念都与这个世界有关，它们触及、表达、区别、分类了这个世界。

因此，达尔文的自然选择、遗传变异和适应性也是一种新的定义循环。由于自然选择和适应性意味着后代数量会增加，许多人都曾很担忧自然选择和适应性是一个定义循环。其实，就像 $F=MA$ 一样，它是一个良性的定义循环。

再回到我的尝试性定义，自主主体是能够繁殖自身并能完成至少一个热力学功循环的系统。在这个阶段，我的尝试性定义还未出现循环，因为“繁殖自身”和“功循环”都可单独定义。但是当我们在以下的章节中深入探究自主主体的概念时，循环的定义就出现了，如“功”、“传播的功”、“限制”、“繁殖组织”、“任务”等。我希望这个循环是良性的，它能帮助我们全新地理解“组织”本身。

过多的解释这个定义会使我们越发的稀里糊涂。其部分原因在于描述自主主体的恰当的数学形式问题。它是一个数值，还是一个标量？是一组数值，还是一个矢量？或是一个张量？我想都不是。自主主体只是一个相关的概念。在下一节，我会为自主主体提供一个由范畴论派生而来的数学形式。这种尝试总比什么都不做要好。不过我可不敢说我的努力是令人满意的，因为范畴论中的映射自身是可以有限预言的，而生物圈则不能，这是我既害怕又高兴的一点。也许还有更新的东西留待我们去发掘。

自主主体

现在，就让我们一起来着手研究吧。我打算从热力学的基石——卡诺循环开始谈起。萨迪·卡诺（Sadi Carnot）是 19 世纪 30 年代的一位法国工程记录员。在那个年代法国刚在拿破仑



战争中战败，滑铁卢大势已去，威灵顿的雕像也被矗立在了伦敦。就像当时的许多人一样，卡诺开始意识到英国取得胜利的部分原因在于他们早期的工业经济力量。英国拥有大量的蒸汽泵，这些蒸汽泵可以除去煤和铁矿中的水分，使得矿工的工作环境虽然条件差但却相对干燥，而且能比法国人更有效地提取煤和铁。反过来，煤和铁又可以用于制造工业革命所需的机器和钢，而煤和铁还可以用于制造使许多矿井都正常工作的更多的蒸汽泵。我发现英国的体系实际上是一个自动催化的技术体系。这倒是个饶有兴致的问题，铁和煤推动了泵的批量生产，而泵又助长了铁和煤的开采。

卡诺着眼于理解从热能源提取机械功的本质问题。他的成果就是对从热源提取机械功的理想装置的分析，即卡诺循环。卡诺把他的工作命名为“热动力研究”。

使人为之倾倒的另一点是，当蒸汽逐渐成为机械功的动力之后，卡诺完成了他至关重要的分析；然而也正是当我们步入了创造自主主体的分子系统的门槛之后，我萌发了挖掘自主主体的本质特征的冲动。这完全不是一种巧合。科学、技术和艺术几乎同步地趋向了相邻可能。

图 3.1 给出了卡诺的理想装置的示意图。图中有两个热源，温度不同，且 $T_1 > T_2$ 。在两个热源之间是一个带有活塞的汽缸，在汽缸的顶部活塞的上端充满着理想的“工作气体”。这种工作气体能被压缩和自行膨胀，而且当理想气体被压缩时，气体温度升高，当理想气体膨胀时，温度降低。

我稍加改进了一下卡诺装置，但这种改进很关键，它不但没有改变卡诺装置工作时的重要特征，反而还显化了这种特征。那就是在汽缸上装一个红色手柄（图 3.1）。在卡诺循环的一开始，活塞几乎处于汽缸的顶端，气体被压缩变热，而且几乎与高温热源的温度 T_1 相等。下面你开始操作卡诺装置。你拉动手柄，使

汽缸无摩擦的滑向高温源 T_1 ，并与 T_1 接触。然后你松开红色手柄，汽缸里的工作气体膨胀，由此推动汽缸顶端的活塞向下运动。这就是卡诺引擎冲程的第一部分。

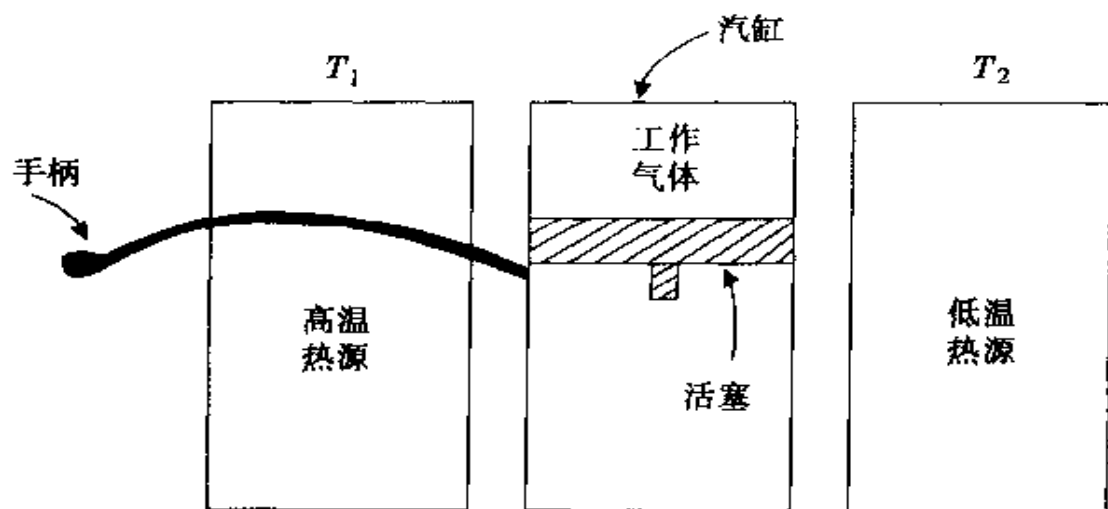


图 3.1 构成卡诺引擎的必备装置 一个是温度为 T_1 的高温热源，一个是温度为 T_2 的低温热源， $T_1 > T_2$ 。两个热源之间是一个汽缸和活塞。工作气体位于活塞上方的汽缸顶部。一个红色的把手安装在汽缸上，在功循环中将用它来移动汽缸，使汽缸要么跟高温热源接触，要么跟低温热源接触，要么使汽缸位于两个热源之间（参考图 3.2）。

当冲程的第一部分开始后，工作气体膨胀然后变冷。然而，由于汽缸与高温源 T_1 接触，热量将从 T_1 流向汽缸，使工作气体保持恒温 T_1 。事实上，若足够慢地操作卡诺引擎，则温度保持不变。而且如此慢地操作被认为是可逆的。如果是快速操作引擎，则不可逆。在冲程的这一部分，温度基本上恒定，于是就把这一部分称为卡诺功循环的“等温膨胀过程”。

在笛卡儿坐标系中很容易理解卡诺引擎，其中 X 轴表示工作气体的体积，Y 轴表示工作气体的压强（图 3.2）。在功循环一开始，活塞几乎处于汽缸的顶端，工作气体被压缩，温度为 T_1 。当



开始等温膨胀后，压强略有降低，体积明显增加。功循环的这部分用图 3.2 中的位置 $1 \rightarrow 2$ 表示， $1 \rightarrow 2$ 的线段上各点表示在冲程的等温膨胀过程中体积和压强的对应值。

现在进入冲程的第二个部分。你推动手柄使汽缸离开高温源 T_1 ，让它处于两个热源之间。然后你迅速松开手柄，工作气体继续膨胀，推动活塞继续向下运动，远离汽缸的顶部。由于汽缸没有与 T_1 接触，而工作气体又在膨胀，因此工作气体明显变冷，于是压强明显下降，体积略有增加。冲程的这一部分叫做“绝热膨胀”。绝热膨胀用图 3.2 中的 $2 \rightarrow 3$ 表示。在这一部分的结束点 3 处，工作气体的压强最小，体积最大。

为了使卡诺引擎回到初始状态 1，以致工作气体能够再次膨胀并对活塞做机械功。因此，必须对引擎做功，使活塞回到汽缸的顶端，压缩工作气体，然后使工作气体的温度升高，让它所对应的温度和压强值，或者说状态相应于初始状态 1。如果对引擎做功仅是使它按原来的路线返回（从 $3 \rightarrow 2 \rightarrow 1$ ），那么，你对卡诺引擎所做的功至少应该等于冲程在从 $1 \rightarrow 2 \rightarrow 3$ 时所释放的能量。如果是这样，从外部世界不可能通过卡诺引擎获得任何净功。

事实上不需要沿原路返回，卡诺引擎，或者说所有的热引擎，都可借用这样一个小小的把戏。在第三步，当冲程结束时，你推动手柄，使汽缸与低温源 T_2 接触。这样做是为了使冲程结束时工作气体处于低温 T_2 。

当汽缸与 T_2 接触后，再来看一下汽缸的底部。有一个结实的手柄安在活塞上，并从汽缸的底部伸出来。你推动手柄，活塞向上运动，由此压缩工作气体，一般气体的温度会升高，但由于汽缸与低温源 T_2 接触，因此，压缩工作气体而产生的热量会散发到低温源 T_2 中，使工作气体的温度略微高于 T_2 ，于是其体积明显减少，压强略微增加。

“小把戏”的要点是做少量的功来压缩气体，使气体尽管变

热，但最终仍保持在低温。由于工作气体几乎保持在恒温 T_2 ，那么压缩冲程的这部分就叫做“等温压缩”，其体积和压强用图 3.2 中的 3→4 表示。

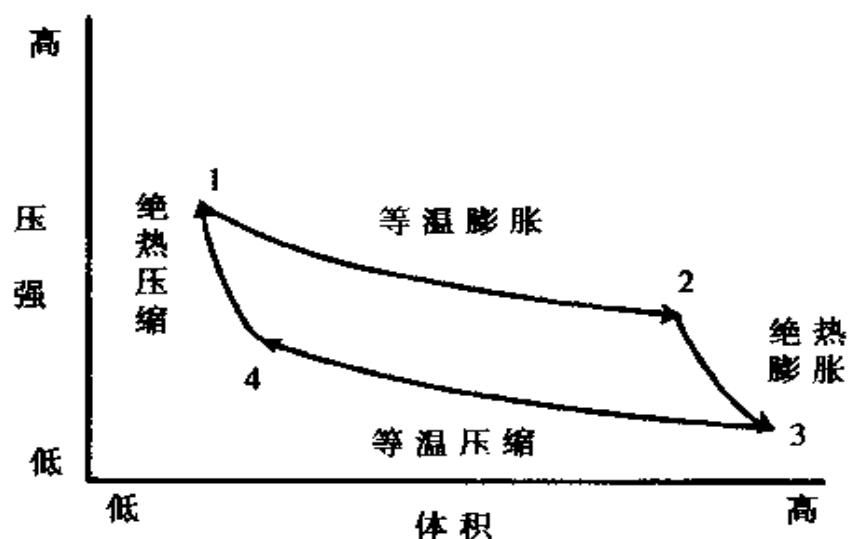


图 3.2 在笛卡儿坐标中用压强和体积表示的功循环。功循环起始于状态 1，这时汽缸与高温热源接触，活塞被推向了汽缸的顶部，工作气体是热的被压缩的气体。在功循环的等温膨胀的冲程阶段，工作气体会发生膨胀。热量将从高温热源流向工作气体，使工作气体保持温度 T_1 ，同时，系统也将从状态 1 变为状态 2。在绝热阶段，你推动汽缸，使它离开高温热源，位于两个热源之间，工作气体会进一步膨胀，从而推动活塞向下运动，冲程也进入了第三阶段。为了重新压缩工作气体，使工作气体变热，以便于从功循环中提取功，你必须使汽缸与低温热源接触，同时向上推动活塞，压缩工作气体。在这个绝热压缩阶段，通过重新压缩气体而产生的热量会流向低温热源，这个过程用图中的状态 3 到状态 4 表示。在第四阶段，你拉动红色手柄，再次使汽缸位于两个热源之间，同时继续向上推动活塞来压缩工作气体，使气体变热，系统又回到了状态 1。整个做的功正比于四个状态所围的面积。



在等温压缩冲程结束时，你拉动手柄，使汽缸离开低温源 T_2 ，处在两热源之间。然后你再推动与活塞相连的手柄，进一步压缩工作气体。由于工作气体被压缩，又不再与低温源 T_2 相接触，工作气体变热，于是压强显著增加，体积略微下降。你一直压缩工作气体，直到回到初始状态 1，于是功循环也就完成了。图 3.2 中的四条线段（1→2→3→4→1），描述了功循环中压强和体积的相应变化。

我再三强调了你和红色手柄在功循环中的作用。当然，在一个真正的引擎中，红色手柄的作用是由各种各样的齿轮、连杆、摆轮以及其他机械装置来实现的。但不论是手柄和你，还是齿轮、连杆和摆轮，都是为了服务于一个宗旨——组织这个循环过程的进行。我将还会重新提到一台机器或一个自主主体中流程的组织问题。卡诺循环在获得循环的机械功时，就包含了有组织的热能的释放。在考虑自主主体中所发生的事情时，功的组织是最根本的，也是最核心的。事实上，我们需要的大部分都是为了表征非平衡系统中真实过程的组织的一种方式。我认为到目前为止，我们还没有完全弄清组织的概念。

对卡诺循环，我想提出的第一个问题是：它为什么是一个“循环”？还是让我来自问自答。因为我们是在一个循环中操作卡诺循环，就像蒸汽引擎、汽油引擎或电动机一样，在完成一个循环后，整个系统又回到了循环最初的初始状态。鉴于此，对于那些协调了引擎各部分的相对运动的齿轮、连杆、摆轮等，它们所带来的过程的组织无须再费力就可使系统回到能再次开始一个功循环的最初位形。如卡诺引擎，系统在功循环中对活塞做了机械功，将热量从高温源传递到低温源。在循环结束时，活塞几乎处于汽缸的顶部，其上端充满了热的压缩气体，气体的温度与高温源的温度相同，卡诺循环又回到了最初的状态。整个卡诺引擎就是一个总的组织，它随时准备接受热能的再一次输入，并准备完

成另一个功循环。

设想没有循环呢？比如大炮点燃了炮弹，炮弹打在一个立着的钢板上，钢板被击倒，砸在一个杠杆臂上，将杠杆臂另一端的球抛向空中，球落向地面，最后静止。要使这新奇玩意儿再重复一遍，就得设法重新装上炮弹，重新竖起钢板，再重新将一个球放在杠杆臂的另一端。那么，所有这些过程和事件的组织从何而来？下一章我会继续谈到这个问题。但现在值得一提的是，诸如卡诺引擎、蒸汽引擎、气体引擎及电动机中的过程的循环组织，它们所获得的不可或缺的组织完全是因为系统作为一个循环在工作。

第二个问题与卡诺引擎中的一个重要特征有关。如果过程沿着逆方向进行，即引擎从状态 $1 \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1$ ，那卡诺引擎的工作机制全然不像一个泵，反倒像一个冰箱。按逆方向进行时，卡诺引擎利用机械功从低温源 T_2 抽取热量送到高温源 T_1 ，使 T_2 变得更冷。

热量不能自发地从低温物体流向高温物体，使低温物体变得更冷。于是有两点值得注意：其一，同样的卡诺引擎装置，既可以作为泵，又可以作为冰箱，这完全有赖于操作的顺序；其二，我也有一点在欺骗读者，因为齿轮和摆轮在获得不同的状态顺序上（12341 和 14321）是不同的。但从本质上来说，同样的装置可以完成两种截然不同的功能或任务，一种是传热，一种是制冷。

第三个问题是有关自发过程和非自发过程的。从卡诺的工作到现在开始真正理解热力学，即热力学的三大定律，经历了差不多 50 年的时间。热力学第一定律是能量守恒定律，闻名遐迩而神秘莫测的第二定律以它的熵著称，而第三定律则是指零温下所有的分子运动都停止。后来，统计力学的出现便将热力学与牛顿力学联系起来了。



有些过程是自发发生的，有些过程却不是。一个最明显的例子就是将热的气体与冷的气体接触，最终两种气体会达到共同的温度，热量自发地从热的气体“扩散”到冷的气体，使前者变冷，使后者变热。在统计力学中，我们把“热”看做是原子运动得很快，即原子有着很高的动能。当这些具有高动能的原子与运动较慢的原子相碰撞时，就会将动能传递给运动较慢的原子，使它们获得加速，同时使运动较快的原子得以减速。最终，两种原子都具有了相同的运动的统计分布，即相同的动能和温度，在这里，“温度”是指系统中粒子的平均动能。玄妙的热力学第二定律告诉我们，系统的熵要么是常数，要么就增加。当今对熵的理解大致可通过 $6N$ 维相空间来描述。

如保温瓶中的理想气体就是一个孤立密闭的热力学系统。假设瓶中有 N 个气体粒子，每个粒子都在真实的三维空间中运动。我们可选取一个任意的三维坐标系，其长、宽、高分别用 x 、 y 、 z 表示。通过三个方向上的三个坐标值就可以标出瓶中任一粒子在任意时刻的位置。除了坐标之外，由于每个粒子都在运动，因此，在瓶中的某个方向上，粒子还有速度，还有动量，按照牛顿力学的矢量合成，我们将粒子的运动沿 x 、 y 、 z 三个方向进行分解，每个方向上的动量等于粒子的质量乘以它在这个方向上的速度。牛顿的矢量合成也表明，我们可以按平行四边形法则将 x 、 y 、 z 方向上的速度或动量还原为粒子的最初的运动状态。

因此，对每一个粒子而言，我们可用三个方向上的 6 个数值表示它的坐标和动量。瓶中有 N 个粒子，因此在任一时刻可用 $6N$ 个数值表示所有 N 个粒子的坐标和动量。不同的坐标和速度的组合相应于不同的一组 $6N$ 个数值。由于瓶中的 N 个粒子相互碰撞并交换动量，按照牛顿运动的三大定律，粒子会以新的坐标和速度的组合从新的方向上反弹回来，于是任一时刻代表系统的 $6N$ 个数值也在连续的改变着。如果考虑瓶中 N 个粒子的所有可

能的坐标和速度的取值，那么，这样一组可能的取值就是系统的 $6N$ 维相空间。系统一开始只有一组 $6N$ 个数值，代表相空间中的一个态。经过一段时间，随着坐标和动量的改变，于是 $6N$ 个数值也会改变，系统便形成了相空间中的一条轨迹。

第二定律的核心问题是： $6N$ 维相空间中的某些位置可能会对应这样的状态，即所有的粒子近乎均匀地分布在瓶中，并以大致相同的速度在运动，而某些位置所对应的状态则是，要么所有的粒子都位于瓶的顶部，要么所有的粒子都顺着瓶壁，并且还都沿着相同的方向运动，等等。

在数学上，可以将 $6N$ 维相空间划分为许多微小的 $6N$ 维“相体积元”。如果相体积元足够小，那么每一个相体积元对应一组近似相同的状态。有的相体积元可能对应瓶中所有粒子均向下运动的状态，而有的相体积元则代表坐标和动量的一种近乎均匀分布的状态。

我们知道，粒子的坐标和动量有各种不同组合，那么，粒子及其运动近乎均匀地分布在各个方向上的组合要比所有的粒子都位于瓶中某个较小区域的组合大得多。为了定量地给予论证，统计力学给出了气体的一个“宏观态”所对应的 $6N$ 维相体积元的个数。结果表明，大多数相体积元都处在这样的宏观态——粒子近乎均匀的分布，并朝着各个可能的方向运动，运动的速度限制在平均速度，即动能附近，只有少数的相体积元处于其他宏观态，如所有的粒子都位于瓶的顶部。

我们是否太肆意妄为了，我们至少还需要这样一个前提——著名的“各态历经假说”。假说认为，状态的轨迹从初始状态出发，就像经历“流水线”一样，将会在各个小 $6N$ 维相体积元中“逗留”相同时间。简而言之，各态历经假说认为（也许用假定会更确切些），系统将会在相空间中的各个小相体积元里“逗留”相同时间。



我们现在真的可以肆意妄为了。由于大多数相体积元都对应这样的状态，也就是粒子近乎均匀地分布，并朝着各个可能的方向运动，运动的速度限制在平均速度附近。按各态历经假说，这意味着系统大多数时间都会处在这种“平衡”宏观态。

从现代意义上讲，第二定律可以简单地说成，一个孤立的热力学系统往往会从概率很小的宏观态（对应少数的 $6N$ 维相体积元）趋向于平衡宏观态（对应大多数的 $6N$ 维相体积元），并在平衡宏观态上逗留很长时间。第二定律的熵增加原理就是指系统从概率较小的宏观态趋向于概率较大的宏观态。

继 19 世纪的玻尔兹曼后，宏观态的熵就被理解为正比于相应宏观态的 $6N$ 维相体积元的个数的对数值。自发过程中熵的增加是指系统从由少数 $6N$ 维相体积元（又称微现态）所组成的宏观态趋向于由大量微现态所组成的宏观态。

接下来就得谈及自主主体了。在这之前我们首先来看一看“催化任务空间”以及催化任务空间中自动催化组的特征。在第一章中，我按照阿伦·皮鲁森和乔治·奥斯特的观点，抽象地描述了形态空间的基本框架。形状空间中的每一个点代表一个分子形状，形状空间至少由长、宽、高这三个空间维数构成；除此之外，它还有反映原子聚集特征的性质，这些性质对有效的分子形状是有贡献的，也就是对通过形状中的其他分子可以“识别”的那些集体性质是有贡献的。这些额外的分子特征包括电荷、偶极矩、疏水性或其他特征。当前，有人猜想形状空间大约在五维到七维之间。如果真是这样，倒并不意味着形状空间的维数是由三个空间维数和两个其他维数构成的。反倒可能是几种物理性质发生组合后构成了形状空间的维数，比如，部分的电荷和部分的偶极矩组合，或者部分的疏水性和部分的偶极矩组合。

不论如何，形状空间必须是有界的，即每一个轴上都有最大值和最小值。一个形状是形状空间中的一个点。于是，病毒抗原

(一种抗原表位), 其分子特征在形状空间中就是一个点。抗体可以结合这种抗原表位以及结合覆盖着形状空间中的一个球的相似形状。完全不同的分子也可能有着相同的形状, 比如内啡肽和吗啡就可以结合相同的内啡肽受体。有限数量的球就可以“填满”整个形状空间, 也许免疫系统的 1×10^8 个抗体分子就足以填满整个形状空间了。

回顾前面所说, 催化任务空间仅仅是将形状空间映射到催化空间而已。催化任务空间中的一个点代表一个催化任务, 一个给定的化学反应就是一个催化任务。如同在形状空间中一样, 相似的反应构成相似的催化任务, 不同的反应也可以构成在本质上相同的催化任务。一个酶对于它所能催化的所有反应在催化任务空间中形成一个球。按照过渡状态理论, 一个催化任务相应于一个催化剂, 它能以较高的亲和力结合反应的过渡状态, 也就是变形了的, 或是说高能的分子位形, 而以较低的亲和力结合反应的底物和产物。

从催化任务空间的意义上来说, 什么是集体自动催化组呢? 先看一个简单的例子。两个肽 A 和 B, 如果 A 从 B 的两个片段催化了 B 的构成, 而 B 从 A 的两个片段催化了 A 的构成, 我们就说 A 和 B 形成了一个集体自动催化组。再来看一看催化任务空间中的两个球, 第一个球被 A 覆盖, 它的催化任务是将 B 的两个片段连接成 B; 第二个球被 B 覆盖着, 它的催化任务则是将 A 的两个片段连接成 A。

集体自动催化组的第一个特征就是我所说的“催化闭合”。每一个反应都必须找到一个催化剂, 而且也确实找到了一个催化剂。A 的形成需要 B, B 的形成需要 A。要提醒各位的是, 催化任务空间里的闭合不是“局部”的, 在集体自动催化组里, 单一的反应不可能通过自身形成闭合。简单地说, 催化闭合是整个系统的性质。



第二个特征，A 和 B 作为催化剂无法通过它们自己形成闭合；A 和 B 必须催化各种各样的反应。如果将 A 的两个“固有”片段（A' 和 A''）给予 B，B 就能将 A' 和 A'' 连接成 A。但是，如果给予 B 的是其他底物，如 Q 和 R，B 也必须催化使 Q 和 R 形成另外两个分子 S 和 T。同样，A 作为催化剂可以将 B 的两个“固有”片段 B' 和 B'' 连接成 B，若 A 遇到的是其他两种底物，如 F 和 G，A 也能将它们催化连接成单分子 H。

因此，A、B、A'、A''、B'、B'' 这一组是集体自动催化的，因为从底物液层 A'、A''、B'、B'' 中可以形成更多的 A 和 B，而 A、B、Q、R、F、G 这一组就不是集体自动催化的，因为由 A 和 B 催化得到的反应产物是 S、T 和 H，它们不是催化剂 A 和 B。

简而言之，催化任务的闭合要求有特殊的催化任务和特定的基质，比如这里的 A 和 B，基质的产物必须是完成了催化任务的催化剂。

一个自动催化组和一组催化任务的闭合具有两重性。从分子观点来看，特定的催化任务构成了化学能量释放的途径，并且通过化学能量的释放，分子系统可以复制自身。于是，这些催化任务协调了分子中原子的流动，从而使得这个组复制了自身。从催化任务的观点来看，分子总在设法重复地执行这些任务，不再需要其他的分子参与进来。分子执行这些任务，而这些任务又协调或者说组织了分子的过程。

就此处所谈及的催化任务而言，它们所产生的协调其实非常一目了然。不妨回顾一下，两个分子 A' 和 A'' 经过各种各样的反应后，可以形成 A，除此之外还可以形成 E、L、M、P 以及其他分子。在催化剂 B 的作用下，使 A' 和 A'' 形成 A 的催化任务显然加速了这个反应，而就形成 E、L、M、P 的反应则不行。于是，催化任务、底物和催化剂，A、B、A'、A''、B'、B'' 等，这一系列的闭合就可以协调或组织物质和能量的流动以形成自动催化

系统。

由催化任务的闭合所获得的组织类似于由齿轮、摆轮以及理想卡诺引擎所形成的组织。流程的集合便是一个有组织整体。自动催化组繁殖自身就是其中一例。值得强调的是催化任务空间中的闭合是具有真实物理意义的新概念，不论是一个物质反应系统，还是一个假定的 AB 系统，还是自生细胞，不论它们是否获得了催化闭合，这都是客观的事实。

现在就只剩下探讨自主主体定义的最后--项准备工作了。这项工作以自发化学反应和非自发化学反应的区别为基础。在平衡态，除了一些逐渐衰减的小的涨落外，每个分子形成或分解的净速度基本为 0。于是，如果两个分子 X 和 Y 相互转化，当 X 转化为 Y 与 Y 转化为 X 的速度相等时，X 和 Y 的含量比就达到了平衡。如果反应开始时朝一个方向进行，使 X 的含量高于平衡比率，这时自发反应或放能反应就会使反应朝着趋向平衡的方向进行，减少过量的 X。

所有自发的化学反应，如果不与其他能源结合，就是放能反应。另一方面，如果有其他自由能源结合到反应中来，那么，由于反应利用了能源，它将会处于“超平衡态”（beyond equilibrium）。通过加入自由能而趋向超平衡态的反应称为吸能反应。对 X 转化为 Y 而言，如果这个反应结合了其他的自由能，那么 Y 的稳态含量要比正常的平衡比率 X：Y 高得多（图 3.3）。

在卡诺循环中，整个功循环既包括汽缸活塞系统在冲程中对外界所做的功，也包括当你推动活塞向上重新压缩气体时，外界对汽缸活塞系统所做的功。卡诺循环的每一个功循环中同时也包含了机械能和热能。而且具有功循环的化学反应网络可以将自发的放能反应与非自发的吸能反应联系到功循环的化学类似中去。就像卡诺引擎的循环一样，这种化学类似必须在循环状态下工作，如 12341 的卡诺循环。而且，为了能以有限速度操作循环，

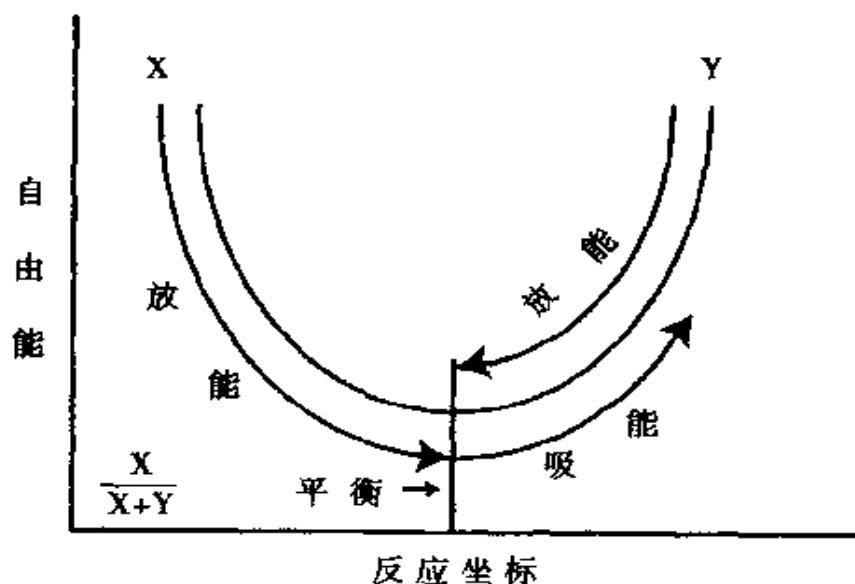


图 3.3 反应的自由能图。其中 X 和 Y 相互转化，直到达到平衡比率 $X/(X+Y)$ 。自由能在平衡态时最小，如果系统最初相对于平衡态而言，有过量的 X 或 Y，那么系统就会放能的，即能量从自由能较高的地方流向自由能最小的平衡位置。如果系统结合了外部能源，使系统处于超平衡态，也就是有过量的 Y 合成，那么使系统处于超平衡的反应就是吸能的。吸能意味着要有其他的自由能源加入到反应中来。总的来说，自发过程都是放能的，都要释放自由能。

即不可逆地操作循环，自主主体必须是一个开放的热力学系统，必须有外界的物质或能量（也就是“食物”）的加入，而且这些“食物”的不断加入将会使系统远离平衡态。

在这一点上，让我们来重新回顾一下葛哈德瑞的自动催化系统。含有 32 个氨基酸的序列 A，它是由含有 15 个氨基酸的片段 A' 和 17 个氨基酸的片段 A'' 连接而成的。底物片段 A' 和 A'' 形成产物分子 A，然后到达底物与产物的平衡比率，这个反应完全是一个放能反应。葛哈德瑞的自动催化系统很精巧，但却仅仅只是放能的，它无法形成一个功循环。一般来说，自动催化系统和集

体自动催化系统可以纯粹是放能的，但此时却无法形成功循环。

现在我们来回到我的定义——自主主体是完成了至少一个热力学功循环的繁殖系统。例如处在功循环中的细菌，它在葡萄糖梯度中向上游动，鞭毛不断地摆动，似乎一刻也不停歇地忙着繁殖和完成一个或多个功循环。所有的自生细胞和有机体都是如此。坦率地说，在错综复杂的相互作用网中，我们将自发过程和非自发过程联系起来，从而获得了繁殖和持续的功循环，通过繁殖和功循环我们就可以作用于这个世界。水獭会筑坝，但水獭也是物质系统。

其实，不论是雷泽·葛哈德瑞的自动催化肽，还是冈特·冯·凯厄卓斯奇的自动催化的 DNA 六聚体，或是集体自动催化的两个 DNA 六聚体组，它们均是放能的，都无法形成功循环。

既然我们已经给出了自主主体的定义，那就不难在化学上实现它。图 3.4 给出了一个假想的分子自主主体。我希望在不远的将来我们可以构建出分子自主主体来。

如图 3.4，第一例候选的分子自主主体是由冈特·冯·凯厄卓斯奇的放能的自动催化系统和另外的两个分子系统一起构成的，其中放能的自动催化系统是由两个 DNA 三聚体和它们的互补六聚体构成的。将六聚体简写为 $3'CCCGGG5'$ ，两个互补的三聚体简写为 $5'GGG3' + 5'CCC3'$ 。如果与六聚体和三聚体的平衡比率相比，有过量的三聚体，那么反应将是放能的，而且会通过合成六聚体而趋于平衡。由于六聚体自身又是反应的催化剂，因此六聚体的合成是自动催化的。

所要添加的第一个系统是焦磷酸盐 PP。它是单磷酸盐的高能二聚体，可分解成两个单磷酸盐 $P + P$ 。就像其他反应一样，PP 转化为 $P + P$ 的反应也有一个 PP 与 P 平衡比率。与平衡比率相比，如果 PP 过量，反应会自发地将 PP 裂解为 $P + P$ ，以达到平衡。

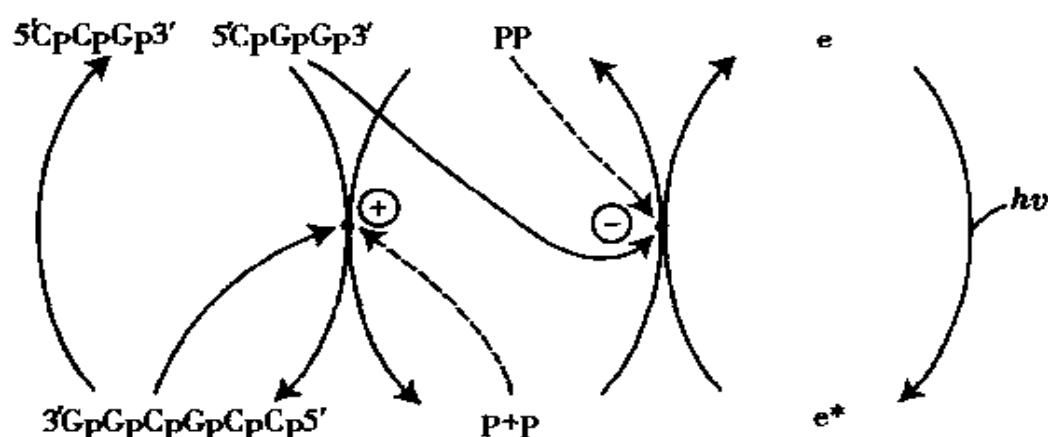


图 3.4 第一例假定的分子自主主体。由于不断地有食物加入系统中，所以整个系统是一个开放的非平衡的热力学系统。食物源是两个单链 DNA 三聚体和光子源 $h\nu$ 。两个单链 DNA 三聚体经过连接反应后可以形成六聚体，也就相当于复制了六聚体。六聚体既可以从三聚体合成，也可以分解为三聚体。每一种反应都是可逆的。但由于有食物的加入，反应会偏离平衡态，倾向于朝着六聚体合成的方向进行。其中合成反应耦合了焦磷酸盐 PP 分解为两个单磷酸盐 P+P 的反应。PP 所释放的自由能可以推动 DNA 六聚体的过量地吸能合成，或者说过量的复制，当然，这是相对于平衡态而言的。分解反应与之相反，六聚体不与 PP 耦合而直接分解为三聚体。然而，由于没有酶来催化这个反应，反应将会进行得很慢，系统中很长一段时间都会有过量的六聚体的复制。P+P 通过吸收激发态的电子 e^* 回到基态电子 e 所释放的自由能后，又可以重新形成 PP，而基态电子 e 通过吸收光子 $h\nu$ 后又回到激发态。六聚体催化了它自己的合成反应。其中一个三聚体催化了 PP 重新合成的反应。空间异构的增强因子和抑制因子就像卡诺引擎中的齿轮和摆轮一样，控制着不同的反应，使得它们相互之间能够发生。于是，单磷酸盐 P 激活了六聚体酶，而焦磷酸盐 PP 抑制了三聚体酶。总的来说，自主主体结合了复制和功循环。

引用 PP 到 P+P 的放能转化，旨在利用放能反应中的自由能

来驱使 DNA 三聚体-六聚体的反应超出平衡，也就是使得与平衡时的含量相比，有过量的六聚体 $3'CCCGGG5'$ 合成。合成过量的六聚体不是自发的，因为它结合了 PP 分解为 $P+P$ 所释放的能量（图 3.4）。简而言之，PP 分解为 $P+P$ 所释放的能量可以驱使更多的 $3'CCCGGG5'$ 的形成，与三聚体底物 $5'GGG3'$ 和 $5'CCC3'$ 相比，反应超出了平衡。

过量的 $3'CCCGGG5'$ 的合成导致了自动催化反应的产物中六聚体的过量复制，它超出了没有 PP 的自由能加入时的量。于是有了 PP 的加入，系统能“更好”地复制。

要注意的是，PP 向 $P+P$ 的分解与过量的 DNA 六聚体的合成意味着系统中储存了能量。这是千真万确的，因为过量的 DNA 六聚体原则上会通过分解为两个三聚体而减少，并在反应趋于六聚体与三聚体的平衡比率时释放储存的自由能。因此，结合 PP 分解为 $P+P$ 的反应意味着自主主体在系统内部储存了能量。在以后的演化中，这种系统内部储存的能量能用来纠正反应的错误，就像现代细胞学的 DNA 修复一样。在此要感谢菲尔·安德森和约翰·霍普菲尔的有益讨论。

一旦焦磷酸盐 PP 裂解形成 $P+P$ ，并且当反应朝着 PP 与 $P+P$ 平衡比率方向进行时，自由能就会消耗殆尽。为了能提供源源不断的自由能以合成过量的六聚体，最简便的方法就是将两个单磷酸盐 $P+P$ 重新合成 PP。何谓之“简便”，从一般意义上来说，简便反映了维持一个主体的过程的组织，而这个组织不是简便的，是必需的。

由 $P+P$ 重新形成 PP 需要提供另外的自由能。这一点也不假，因为我们是利用 PP 分解为 $P+P$ 所释放的能量来合成过量的 $3'CCCGGG5'$ 的。现在我们需要补充能量将 $P+P$ 重新合成 PP。我是这样来获得自由能的，当一个电子吸收一个光子 $h\nu$ 后就会跃到激发态 e^* ，而 e^* 返回到低能态 e 时就会释放能量，将这个反



应与 $P + P$ 合成 PP 的反应结合即可。

第三个耦合反应的思想很明确：从 $P + P$ 重新合成 PP 就是为了使 PP 继续推动过量的 DNA 六聚体 $3'CCCGGG5'$ 的形成。总的来说，整个系统是放能的，因为自由能的补偿是靠不断加入光子 $h\nu$ 以及两个底物 $5'GGG3'$ 和 $5'CCC3'$ 来提供的。这就是说，我们并没有违反第二定律。

让我们再回过头来看一看卡诺循环。在功循环中，你得不断地推拉汽缸上的手柄和活塞上的手柄。当然，在一个真正的引擎中，无须你亲自出马，你所起到的组织这个过程的作用将会被齿轮、摆轮、连杆、连接器、轴承或其他机械部件所取代。

我假定控制了以上反应的分子耦合就类似于齿轮、连杆、连接器等。比如说，我假定六聚体 $3'CCCGGG5'$ 是催化剂，它把两个三聚体 $5'GGG3'$ 和 $5'CCC3'$ 的连接与 PP 向 $P + P$ 的放能分解耦合起来。我假定单磷酸盐 P 结合了六聚体，从而促进了反应。也就是我假定 P 是空间异构反应的增强因子。“空间异构”意味着 P 结合了酶（即六聚体）的一个位点，而不是六聚体的结合位点与底物发生了结合。空间异构的增强因子和抑制因子在生物系统中很普遍。

P 可能会结合 DNA 六聚体的糖磷酸盐骨架，这种结合暗含着当 PP 分解为 $P + P$ 时， P 会反过来激活六聚体酶，使合成六聚体的催化作用更加明显。这样一种反应产物对酶的正反馈发生在糖酵解途径中，糖酵解是细胞新陈代谢的核心。事实上，在适宜的实验条件下，这种正反馈会造成糖酵解代谢物的含量发生振荡。

最后，我还要引入一些其他的耦合。我假定其中的一个三聚体 $5'CCC3'$ 是催化剂，它把从激发态 e^* 到 e 所释放的自由能与从 $P + P$ 重新合成 PP 耦合起来。我还假定这个催化的空间异构的抑制因子是 PP 。也就是说，当 PP 的含量很高时，它就会抑制它自身的重新合成，而当 PP 的含量下降时，对重新合成 PP 的抑制因

素就会消除，于是又可以重新合成 PP 了。以上所有这些新奇古怪的分子玩意儿，即我们所假想的第一例自主主体，都在图 3.4 中作了表述。

这个假设的自主主体的第一个值得注意的问题是，自主主体形成了一个以前从未研究过的化学反应网络。对放能的自动催化系统和交叉催化系统的行为研究才刚刚自此起步。而对既有放能反应又有吸能反应的行为研究则已开展了数年，因为这种行为是中间代谢和能量的生化转换的核心。但迄今为止，还没有一个人去综合研究既有放能反应又有吸能反应的自动催化的反应网络。因此，我们正在开辟一个新的领域。

我们的分子自主主体具备了一个活系统所需的两个本质特征：自我复制和新陈代谢。而且，我所坚持认为的自主主体完成了一个功循环与众所周知的新陈代谢完成了一个功循环是一样的。

第二个值得注意的问题是我们的自主主体必须是一个非平衡系统。以光子 $h\nu$ 和三聚体底物形式存在的自由能被吸收，并被用来驱动 PP 和过量的 DNA 六聚体的合成，平衡时是没有作用的。过量的 DNA 六聚体的合成导致了过量的六聚体的复制，这是因为三聚体-六聚体的合成与 $PP \leftrightarrow P + P$ 的循环反应结合在一起，构成了一个“化学引擎”。

第三个值得注意的问题是由自主主体所完成的功循环。通过 $PP \leftrightarrow P + P$ 的反应可明显地观察到功循环。在卡诺循环中，工作气体的循环是指工作气体先被压缩变热，然后膨胀变冷，最后又回到被压缩变热的情况。在我们所假想的自主主体中，也有一个物质的宏观循环，先是通过合成 DNA 六聚体的反应引出 PP 到 $P + P$ 的反应，随后又是通过高能电子的反应引出 $P + P$ 到 PP 的反应。物质的宏观循环实际上就是工作引擎（正如彼得·韦尔斯 [Peter Wills] 所阐明的化学发动机的概念）。另外，根据动力学常数，自主主体可能包含了一个含量的振荡循环，其中 PP 的含



量开始很高,随着 $P+P$ 的形成, PP 的含量会下降,最后通过光子激发的放能反应 $e^* \leftrightarrow e$, PP 的含量又会升高。

因此,自主主体中的 $PP \leftrightarrow P+P$ 反应构成了一个化学引擎, $PP \leftrightarrow P+P$ 的循环中有一个物质的宏观净流量,整个反应是偏离平衡的,光子 $h\nu$ 和两个 DNA 三聚体的不断加入所获得的能量会推动反应的进行,同时能量的释放又会推动过量的 DNA 六聚体合成。

第四个值得注意的问题是自主主体工作在一个循环中,就像卡诺引擎、蒸汽引擎、气体引擎、电动机一样。当循环结束时,系统又为再次循环做好了准备。于是便可得到一个不断重复的过程的组织。接下来,就像卡诺循环的逆循环是一个冰箱而不是一个泵一样,如果自主主体的反应逆向进行,那么 $PP \leftrightarrow P+P$ 的引擎也将逆向工作。这是因为所有的反应都将从相反的方向相对平衡态发生偏离,就像反向旋转齿轮一样,也就是颠倒耦合了两个酶的激活因子和抑制因子的正负号,这会将储存在上述六聚体的平衡含量中的过量能量用于产生两个三聚体以及重新从 $P+P$ 合成 PP 。如果光子 $h\nu$ 的释放是一个非常容易的反向步骤,那么过量的 PP 可以推动激发态的电子释放光子,然后回到电子的未激发态。

简而言之,如果自主主体逆向进行,它就会变成它自身的“食物”。如果逆向进行,系统就不再是一个自主主体了,因为它不能繁殖自身和完成一个功循环。如果逆向进行,系统将是一个“闪光灯”。

自主主体假说行得通吗?答案是肯定的。我的许多同事:安德鲁·戴利(Andrew Daley)、安德鲁·戈温(Andrew Girvin)、彼得·韦尔斯(Peter Wills)以及丹尼尔·亚密斯(Daniel Yarnis)和我一道模拟了一个微分方程系统,它与自主主体的分子反应网络的动力学相吻合。微分方程代表着自主主体中每一化学物质的含量随时间改变的方式,每一化学物质的含量既是它自身含量的函数,也是其他化学物质含量的函数。总的来说,在这些

微分方程中，有许多未改变的常数，它们代表动力学常数或其他参数。在上例中，微分方程包含了 13 个这样的参数。

上述自主主体模型偏离了平衡态，主要是由于有两个 DNA 三聚体 5'GGG3' 和 5'CCC3' 的不断加入，以及 DNA 六聚体的不断减少，还有不断地从外界获得光子 $h\nu$ 。化学反应网发生在“恒化器”的条件下。这是指在数学上，系统中所有的分子就像在一个容器中一样，我们以恒定的速度向容器中加入三聚体和光子，同时又以可调节的速度从容器中除去六聚体，使得六聚体的内部含量为常数，也不管六聚体的复制速度如何。

与仅有 DNA 三聚体-六聚体的系统相比，显然当 DNA 三聚体-六聚体的系统与 PP 和电子的循环耦合后，自主主体能更有效地复制。我们还可以在热力学上测量两种转化的效率，一种是有光子加入到系统中的自由能向过量的六聚体的转化，一种是不受任何推动的当反应达到稳定态时六聚体的含量。

图 3.5 给出了我们模拟的结果。在对化学反应网的模拟中，有 13 个动力学常数。我们在完成计算选择实验时，不仅将自主主体与纯粹的放能的 DNA 三聚体-六聚体系统作了比较，而且还在计算机上改变了少量的动力学常数，并且在计算机上以更高的热力学效率来演化自主主体的复制。

我们的结果最先给出的，而且也是最重要的是：第一，自主主体操作着相对平衡态的偏离，并且利用了功循环，它能通过利用加入到系统中的自由能来更有效地复制 DNA 六聚体，这显然比 DNA 三聚体-六聚体系统没有耦合 PP 以及电子-光子循环系统时要高。这样，自主主体，包括它的功循环，在复制 DNA 六聚体时，会比仅含有三聚体-六聚体的放能系统要快得多。简而言之，耦合了带有功循环的自动催化系统的自主主体要比耦合了纯粹的放能的自动催化系统的自主主体更具有选择优势。

第二，就像糖酵解中正反馈的例子一样，如果动力学常数选

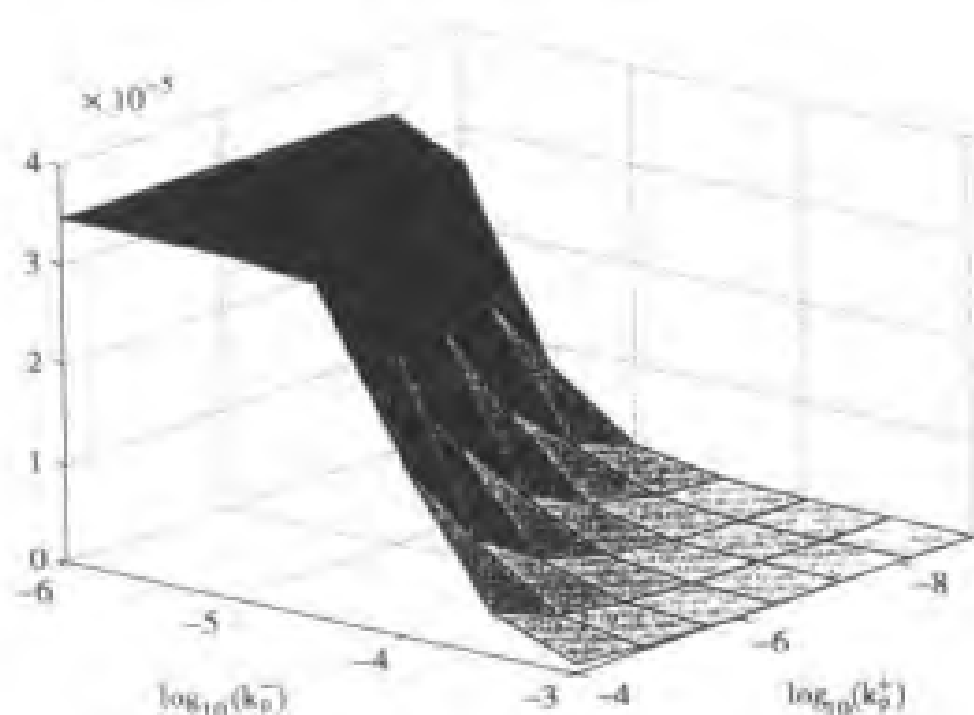


图 3.5 自主主体与 DNA 三聚体-六聚体系统。图中显示了十三维空间中适应度景观的一部分。这里，适应度是通过 DNA 三聚体食物源转化为 DNA 六聚体——也就是过量的 DNA 六聚体复制的效率来测量的，图中的垂直轴代表适应度，而水平面上的两个参数则是模拟的分子自主主体的十三个动力学参数中的两个。

取适当的话，我们的自主主体模型也将经历 PP 和其他物质含量的振荡。PP 含量的振荡是指在功循环中，PP 的含量会从高到低再到高，类似于卡诺引擎的功循环中工作气体的膨胀和压缩振荡。

第三，像山雷一样的适应度景观也存在于具有 13 个动力学常数的数学参量空间，其中动力学常数取某个值时会使得复制的效率更高。也许达尔文的自然选择是可以操作的，如果动力学常数中有遗传变异的话。

从我们的模拟中所得出的主要结论就是——耦合了至少一个自动催化的功循环的自主主体完全有可能是一种非平衡的、开放



的化学反应网。这一点也不假。在不远的将来，我们完全可以构建这样的自主主体的分子反应网络，并研究它们的动力学行为和演化行为。事实上，广义生物学已近在咫尺了。

至此为止我们已经探讨了假定的分子自主主体，而且为了简单起见，讨论时忽略了反应物必须限制在有限空间的问题。事实上，这样做是很理想化的。如果将自主主体置于稀释的溶液中，反应的速度会很慢。真正创造一个具有一定功能的分子自主主体，则要求参加反应的分子被限制在一个小体积中，或一个小的表面上，或其他形式等。

可以将分子限制在小体积中的有胶束和脂质体。两者都是宏观分子的聚集结构，均由“两亲性分子”组成，即分子既有亲水性，又有疏水性，就像脂类一样。胶束是单层结构，在水性培养基（aqueous medium）中，其亲水部位朝外，但能围住一个水核（aqueous core），水核中可容纳自主主体的其他分子。在水性培养基中，脂质体是双层膜，类似于细胞膜，其顶端具有亲水性，尾端具有疏水性。在水性培养基中，胶束和脂质体都能通过出芽生殖来形成，甚至复制。一个生长完全的分子自主主体能在它的有限表面合成脂类或类似的分子结构，并通过将自动催化的功循环分散到子囊泡中来协调生长。

另一种将自动催化的功循环的分子限制在有限体积内的方法便是将反应的分子限制在一个表面上。这种限制更具有优势，它可以通过将反应物从三维搜索变到二维搜索来改变从前的扩散搜索。这种新的搜索可以改变从小聚合物合或大聚合物的化学平衡。这就好比是将反应物和产物限制在了黏土表面上，或者说将复杂的有机体的反应物和产物限制在了星系中巨分子星云的布满尘埃的表面上。

在以后的章节中，我还会继续探讨分子自主主体的性质。尤其是为了理解自主主体，我们还打算谈一谈物理学家眼中的



“功”，在一个功循环中，对“功”的最好理解便是，功是受限制的能量释放。正是做功过程中必不可少的能量释放时的限制构成了类似于普通机械中的齿轮、连杆、连接器、摆轮等。更重要的是，得消耗功才能构建能量释放时的限制，而这种限制又可以形成功。在我们所举的第一个自主主体的例子中（图 3.4），这些限制存在于催化剂和空间异构与形成自主主体的反应的耦合之中。我有一种预感，一种就要被证实的预感：能量释放时构建限制的组织可以形成功，由功自主主体又可以构建新的能量释放时的限制，在某个时候，自主主体可以构建一个自身的拷贝。这是一个全新的概念，也许它在本质上就是“组织”的概念。

如果我的猜想是对的，那薛定谔又遗漏了什么？他有关微观密码的观点一点也不错，微观密码可以作为能量释放时的限制，通过这些限制，自主主体可以构建一个它自身的大致拷贝。也就是说，微观密码是 DNA 结构，它起到了对酶的限制作用，并转录和翻译着遗传密码。然而薛定谔没有表明自主主体必须是非平衡的。另一方面，相对平衡态的偏离是微观密码作用的必要条件。所以，这种偏离可能已经蕴藏在他的主要思想之中了。我认为，最重要的还是在于薛定谔没能提出自主主体是完成了至少一个功循环的自动催化系统这一观点。这种系统是一种新的动力学系统。

既然我们已经弄清了自主主体的概念，于是我又有了新的想法，自主主体是否可能构成生命自身的本来定义。我并不想武断地说我的强烈直觉一定是对的。我只是猜测，自主主体是完成了至少一个功循环的自动催化系统，也许这就是生命的定义。如果是这样，也许这就是对细胞中的大量分子进行研究也无法揭示的生命最可玄妙的本质。这本书中剩下的大部分内容都将用来检验对自主主体的尝试性定义，或者说生命的定义。不过，我不会固执己见。其实在这个阶段，已经足以证明我们所知道的所有自生系统都满足我对自主主体的定义，如单细胞细菌、单细胞真核生



物、多细胞有机体等。

图 3.4 给出的仅仅只是分子自主主体的一个例子，那么，自主主体所包括的范围到底有多少？我承认我不知道。当然，对于完成了至少一个热力学功循环的繁殖系统，没有理由把它仅限制在 DNA、RNA 或蛋白质内。我们已经看到，朱利叶斯·雷贝克已经在生物聚合物之外创造了自我复制的有机分子。就算这样的复制分子系统无法包含热力学功循环，这也并不意味着我们会一直停留在创造这种系统的阶段上。而且似乎更广范围内的化学反应网也可以满足以上我所提出的标准。那自主主体一定得是“分子”吗？诸如星系之间的相互作用的引力系统满足这个标准吗？在增益介质填充的激光谐振腔内，由大量的光子和自我复制的光谱所构成的系统满足这个标准吗？地貌学呢？我不知道。也许在这个阶段，只能提出质疑、进行研究，而无法完善。

自然游戏

在这一章的最后一节，我要谈的是另一个令人费解的问题——自然游戏。自然游戏实际上就是环境中谋生的方式。也就是说，自主主体能为了自身的利益而行动，它们之所以习惯这样做就是为了在环境中谋求生存。细菌在葡萄糖梯度中向上游动，它正在环境中谋生。事实上，生物圈中所有的自生实体都是如此。

很显然，我们都或多或少地知道怎样谋生。比如，我写《科学新领域的探索》就是我作为一个科学家的谋生方式，只是希望我写的书不要太自我主义了。

但自然游戏并非如此简单。不妨重提一下“没有免费的午餐”理论，它是几年前由圣菲研究所的博士后比尔·麦克里迪和大卫·沃伯特提出来的。比尔和大卫想知道是否有某种对适应度景观的搜索算法在本质上会比其他的算法优越。就拿约翰·霍兰



德来说吧，他是我在圣菲研究所的另一个同事，以发明了“遗传算法”^①（genetic algorithm）而闻名，他的遗传算法可以用来优化一些比较难的计算问题。遗传算法以生物适应性上的突变、重组和选择为基础，在学术界和工业界得到了广泛应用。

其实，比尔和大卫想知道，这个生物圈中的生物系统是否恰好碰上了最优化程序。答案无疑是“否”。麦克里迪和沃伯特在数学上严谨地阐述了“所有可能的适应度景观”，并且指出，对所有景观取平均值，没有一种搜索算法比另一种搜索算法更优越。没有免费的午餐。

简而言之，对一任意给定的适应度景观，仅有某些搜索算法能对其起作用。也就是说，只有当搜索程序与被搜索的适应度景观相协调时，这个搜索程序才会比其他的搜索程序更有效。

这涉及第一章所提出的一个重要问题。大多数有机体都是有性的，于是可以通过调节突变和重组以作为搜索程序，从而在自然界谋求生存。但是我自己和其他一些人的研究结果表明，重组在本质上对崎岖不平的适应度景观是无效的，斯坦福大学的马克·费德曼（Mark Feldman）和阿维夫·伯格曼（Aviv Bergman）指出，如果在崎岖不平的景观上演化的基因增加了模拟的有机体种群重组的频率，它们将不再会被选择来增加，或者说建立重组。然而大多数有机体都是有性的，它们会在适应性上付出2倍的代价以获得两个亲本而不是一个。如果是这样，也许我们的生物圈中到处都是各种各样的平滑的关联景观，使得重组是一个好的搜索程序。

怎样才能生物圈中找到一簇景观恰好能被重组搜索到呢？要么平滑的景观就是事物的客观本质，要么演化本身出于某种原

^① 遗传算法：是约翰·霍兰德根据生物进化的模型提出的一种优化算法。遗传算法以自然选择和遗传理论为基础，将生物进化过程中适者生存规则与群体内部染色体的随机信息交换机制相结合的搜索算法。——译者注



因可以使得突变和重组选择这种景观。重申一遍，假定在过去的40亿年里，当我们徘徊，并逐渐变得适应的时候，突变和重组成为了仅对人类的适应度景观才是好的搜索程序，那我不禁要问：这些适用于突变和重组的奇妙的适应度景观从何而来？

暂且不谈这个。为了便于讨论，不妨假定我对分子自主主体的阐述是正确的。我认为，在生命（自主主体）伊始，它们的多样性很低。尽管如今已有了 1×10^8 种不同的物种，但这仅是地球上所有存在过的物种的0.1%，剩下的许多物种那灭绝了。作为谋生方式的自然游戏毫无疑问地在与谋生的自主主体——物种——共同演化着。因此，我记得我在第一章给出了达尔文曾经说过的一句话：“获胜的自然游戏就是胜者所玩的游戏。”

不错，获胜的自然游戏的确是胜者所玩的游戏。那这些自然游戏是什么样的游戏呢？我们的脑海中会浮现出这样的答案。获胜的游戏应该是通过共同演化的自主主体所使用的适应的搜索程序可以轻易搜索出来的游戏。

简而言之，生物圈是自主主体和谋生方式的自我连贯共同演化的构建，而且谋生方式自身也可以自我连贯地被自主主体所用的搜索程序搜索得到。为通俗起见，不妨借用经济系统的观点。职位与谋求职位的人并存，如果没有人精通或宣传某个职位，那这个职位就鲜为人知，更不会细分为一簇与之类似的职位。

生物圈中，被突变和重组搜索到的谋生方式可能通过许多谋生的同科同属的物种所玩的一些略有差别的自然游戏而增加。由此可知，这些自然游戏也会增加。至于那些不能被突变和重组成功搜索到的谋生方式，也就不能为同科物种提供新的生态位，这样的自然游戏就得不到增加。

天地间的万事万物正将这个世界连成一个整体。如果我们不能给定突变、重组和选择的搜索程序，我们就无法做我们现在所做的事情，就无法谋生。这还只是整个理解的萌芽阶段。我并不



想装得满腹经纶，但我可以指出：生物圈是自我连贯地共同演化的构建，有谋生的自主主体的构建，有构成这些谋生方式的自然游戏的构建，也有使得这些谋生方式不断地被适应的自然选择所控制的搜索机制的构建。

我坚信广义生物学正有待于我们去发掘。而且自主主体就是其突破口，自主主体的特征对理解广义生物学至关重要。由于自主主体将功循环中的放能反应和吸能反应综合在一起，于是此处高能的分解便可以用于彼处的结构和组织的构建。事实上，自主主体的共同演化必然会导致自主主体的内部和自主主体之间出现放能反应和吸能反应的交织。此处物质的分解必然与彼处物质的构建相连接。也许就是通过这些连接，使得漫不经心地普照在这51亿平方千米的旋转星球上的阳光无意间创造了巨红杉的奇异结构，一种高高挺立在美国和加拿大西部斜坡上的巨树。也许就是因为自主主体完成了循环，于是包括我们人类在内的自主主体就构建了这个生物圈。

构成“组织”的核心因素也同样适用于经济学，经济学不过是生物圈中人类的延伸而已。这个因素便是“贸易互利”(advantages of trade)。可以如此理解这个关键性概念。假定你和我构成了一个微经济结构，你得靠1000个梨和100个苹果来维持生计，而我得靠100个梨和1000个苹果来维持生计。但是，如果你的梨少一些而苹果多一些，你才会增加满意感或者“效用”(utility)。只可惜的是你的梨太多而苹果太少。同理，如果我的梨多一些而苹果少一些，我才能称心如意，可惜呀，偏偏我的苹果太多而梨又太少。

于是你我之间便出现了“贸易互利”，将我的苹果与你的梨进行交换，我们都会更加快乐。对这一点的理解非常关键，就是通过交易我们的境况都会变得更好。贸易互利是推动经济中进行交易的最根本因素。下面我们利用“埃奇沃思盒”(Edgeworth box)来研究一个简单的经济模型中的贸易互利。埃奇沃思发明



了一种二维的盒子，盒子边线上的点表示“数量”，如图 3.6。在埃奇沃思盒中，我处在左下角，你处在右上角。一族具有相同满意程度或“等效用”（isoutility）的曲线，显示了你拥有苹果的梨的所有组合的“无差异曲线”（isohappiness）。总的来说，你拥有的苹果和梨越多，你就越满意。你的快乐从低到高增加，就像一座锥形的山峰一样，而峰顶则落在我的头上。在峰顶处，你拥有了系统中所有的苹果和梨。

我的“无差异曲线”起始于左下角，而峰顶则位于右上角你的头上，那时，我也拥有了系统中所有的苹果和梨。

你我的无差异曲线都是弯曲的，它们都凸向我们自己。因此，如果在交换开始时，你拥有大多数的梨，而我拥有大多数的苹果，用“埃奇沃思盒”中右下角的一个点表示（图 3.6），这个点既处于我的某条无差异曲线上，同时也处于你的某条无差异曲线上，它就是经济的起始点，也是这两条无差异曲线的交点。

现在我们就可以来理解贸易互利了。位于我们的无差异曲线所包围的区间里的点，比你我各自交换之初的无差异曲线都要高。因此，只要处于我们的无差异曲线所包围的区间，我们都会变得满意。在这个区间，我们都可以享受到贸易所带来的利益。

从“经济 100”^①（Economics 100）里，还谈到以下几点。考虑从你的一簇无差异曲线中随意挑出一条曲线，必定有一条我的无差异曲线恰好与你的曲线只有一个交点，这个点便是切点。也就是说，对于你的任一条无差异曲线总有一条我的无差异曲线与之相切。因此，我们可用一条线将这些切点连接起来，并且这条切线的两个端点就是分配之初你和我的两个原点。我们可以定义出彼此都拥有贸易互利的区域。

^① 经济 100：又称为经济简介（Survey of Economics）。是为即将步入经济学领域的学生们所开设的一门课程。——译者注

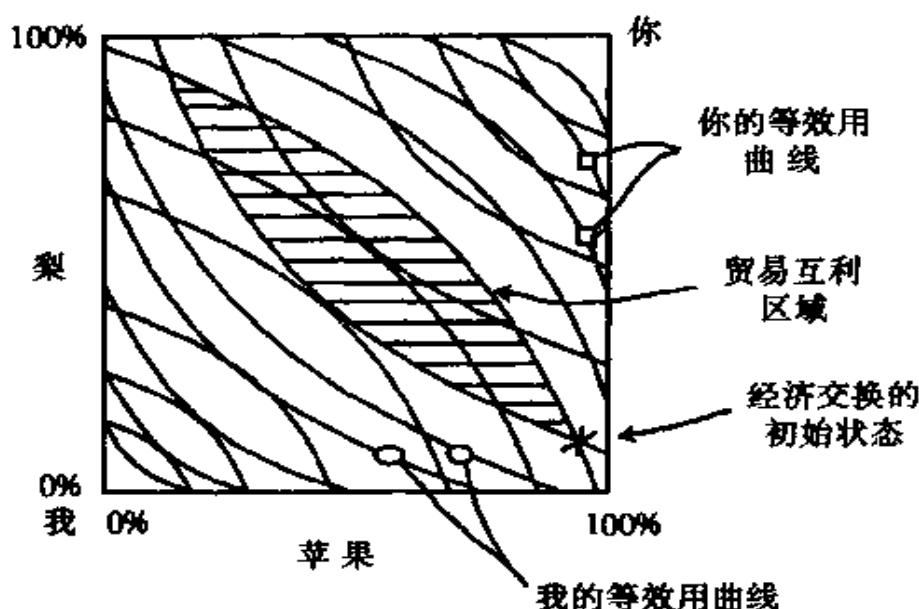


图 3.6 在苹果与梨的简单经济交换中，埃奇沃思盒所给出的贸易互利。在交换的初始状态，我占有系统中大多数的苹果，而你只占有系统中剩下的少数苹果。不过你占有系统中绝大多数的梨，而我只有少数。图中的曲线表示在苹果和梨的交换中你我的等效用曲线，或者说无差异曲线，其中我的用带有圆圈的曲线表示，你的用带有方块的曲线表示。

总的来说，我占有系统中的苹果和梨越多，我就越满意，因此我的等效用曲线会从图中标有“我”的角落逐渐向右上角延伸，表示我的效用水平增加。同样，如果你占有系统中的苹果和梨越多，你也会越高兴，因此你的等效用曲线也会从图中标有“你”的角落逐渐向左下角延伸，表示你的效用水平增加。你和我的等效用曲线所围的阴影部分（经过交换的初始状态）给出了你的梨与我的苹果交换之后所获得的贸易互利，也就是交换之后你我的效用水平都得到提高的区域。在这个阴影部分，对于我的任意一条等效用曲线，都有一条你的等效用曲线与之相切。切点的连线横跨阴影部分，是“契约曲线”。如果我们不在契约曲线上，我们总可以通过交换而使我们的境况变得更好。但是，如果我们在契约曲线上，只有通过使我的境况变得更糟糕，你才会变得更快乐。这条契约曲线是具有帕累托效率的。



切点的连线我们称之为“契约曲线”(contract curve)。在契约曲线上,不可能通过交换苹果和梨来增加彼此的满意。如果你多一点满意,我就会相应地少一点满意。契约曲线被认为具有“帕累托效率”^①(Pareto efficient)。如果不减少我的满意是没法增加你的满意的,反之亦。相反,如果我们不在契约曲线上,我们就还可以进一步地获得贸易互利。从这一节来看,经济中的“价格”体现为你我的苹果与梨的交换比率。很明显,如果我们处于契约曲线上的任意一点,而这一点又与某个交换比率相对应,那么它就是苹果相对梨的价格。

目前,在“一次性交换”(one-shot exchange)的经济中,不可能找到契约曲线上对应的点。我们一路沿着契约曲线纠缠,每个人都试图得到所有的贸易互利。不过,要是我们打算利用我们的满意,或者说效用、财富,再投资建造一个生长苹果和梨的果园,结果会怎样呢?在再投资的经济领域中,如果我们能利用我们的贸易互利,再加上一些其他的投资,生产出比开始时具有更多的苹果和梨,那又会怎样呢?

下面我对细菌或其他的自主主体作了一个类比。让满意或是经济学家们所说的效用,或为“复制速度”,即适应度;让增加的满意成为增加的复制速度,即增加的适应度;让贸易互利映射或相互作用,这种相互作用是你我两个自主主体帮助彼此更快复制的相互作用。根瘤菌与豆科植物的共生固氮就是一个典型的例子,豆科植物的根可以吸收光、水和二氧化碳,并为真菌提供糖分,而真菌可以从空气中摄取氮并将它固定在氨基酸中,再把氨基酸提供给植物。植物和真菌互相依存。

两个共生生物 A 和 B 存在贸易互利。A 通过新陈代谢而分泌

^① 帕累托效率:如果改变现有的资源配置,在不减少一方的福利的情况下,就不可能增加另一方福利时,这种状态就是具有帕累托效率的。在埃奇沃思的生产契约曲线上的点,都是具有帕累托效率的。——译者注



出来的分子能帮助 B 更快地繁殖，而 B 通过新陈代谢分泌出来的分子能帮助 A 更快地繁殖。如果这两者所获得的帮助都比消耗的新陈代谢要大，那么通过帮助彼此，两者都可以获得更快的繁殖。事实上，凭直觉都可以知道，既然 A 和 B 按指数繁殖，那么，A 和 B 的多度 (abundance) 比率一定是固定的，以至于彼此都能最优地获得帮助。如果是这样，那么，通过 A 和 B 的共生作用，它们的增长速度应该是一样的，否则，A 或 B 就会迅速地按指数增加，而远远超出另一个的多度，共生的世界就会解体。

维也纳大学的彼得·舒斯特 (Peter Schuster) 和彼得·斯塔德勒 (Peter Stadler)，还有我几年前在圣菲研究所创造的一个简单的模型，它是指两个复制的 RNA——A 和 B——能以上述方式互相帮助，经证实，在最恰当的共生帮助区域里，A+B 的混合群体比单独的 A 或 B 都长得快。而且 A 和 B 的增长比率也保持不变。因此，在某个点，A 的产物分子与 B 的产物分子的交换是固定的，这个点就是价格。于是，至少在某些简单的模型里，当自主主体形成了一种共生体 (如 A 和 B 共生互助)，那么，它们就找到了一种创造贸易互利的途径，就找到了契约曲线上的一个固定点，并停留在这个点上，这个点就是交换比率，即价格。

再回过头来看一看植物的根和真菌，植物做了热力学功以便从阳光、水和二氧化碳那里合成糖分，而真菌做了热力学功以便从空气中将摄取到的氮固定在氨基酸中。在一个真正的生物圈中，要将放能反应和吸能反应联系在一起，才能由此做热力学功以构建一个复杂的组织。事实上，放能反应和吸能反应的连接不可避免地新的贸易互利的突现联系起来了，这种新的突现是指在新的生态位上获得了更好的谋生方式。在上例中，糖和氨基酸的交换可以帮助植物和真菌同时以更快的速度繁殖。

我们知道，自主主体联系了放能反应和吸能反应，而这正是创造贸易互利的关键，并由此在新的生态位产生新的共生机会。



自主主体们创造了一个巨大的生态系统网，它们捕捉阳光、水、氮、二氧化碳和一些其他的简单分子，它们构建了一个物种繁多的生物圈，就像达尔文所说的“缤纷的河岸”^①（tangled bank）一样。最后，我们希望建立一个理论，它能解释贸易互利的分布，生态系统中以不同形式储存的能量的滞留时间的分布，以及生物圈中连接的放能反应和吸能反应的统计模式——这种模式产生于生物圈构建自身，并持续地探索新的谋生方式和新的生态位，而这些新的谋生方式和生态位又可以使得达尔文用较少的遗传变异为这些生态位创造新的物种。

进化论的怪异处是每个人都认为他理解了进化。真的可以理解吗？我不敢苟同，我只是希望找到存在于生物圈并支配着生物圈的自我连贯地构建的普适规律。在以后的章节中，我也斗胆地提出了几个普适规律，但这仅是我们对于广义生物学的一个尝试而已。

^① 达尔文曾写过一篇赞美生命的短文（An Eulogizing of Life），其中提到了缤纷的河岸（tangled bank）。短文主要抒发了作者对物种之多以及生命之壮观的感慨。——译者注



第四章

繁殖组织

本书的内容就如同它的名字《科学新领域的探索》一样，挖掘宇宙的新问题。万事万物并非总是藏而不露，科学也并非总是探索未知的事实，从而揭示事物的神秘，尽管不得不承认我们就是如此这般地做科学的。如今，整个世界赤裸裸地展现在我们面前，但我们却对这个所看到的世界缺少质疑。有一个故事，也许仅是故事而已，讲的是早期在加勒比海（Caribbean）由当地居民驾驶的西班牙船只突然销声匿迹的事。至今为止，这仍是留给世人的一个悬念。

那不加修饰地展现在我们面前的世界，就是自主主体中催化剂和功任务的闭合。通过这种闭合，自主主体可以通过熟练地将放能过程和吸能过程联系起来，从一些小的建筑单元构建一个它自身的大致拷贝。一个细胞或一群细胞就正在这种繁殖过程的组织。

这一章的主要目的就是通过繁殖组织发掘我们所意识的和目睹的。这不是件容易的事。我将首先介绍麦克斯韦妖^①，以及为什么只能在非平衡态下对系统进行测量。在非平衡态时，测量结果可以被存储起来，然后用来从被测量的系统中提取功。麦克斯

^① 参见本章“麦克斯韦妖”小节内容。



韦妖在物理学中占有举足轻重的地位，因为它将物质、能量和信息都联系起来了。然而，我们却发现麦克斯韦妖在测量结果上所做出的努力是不完全的。你看，如果进行测量的话，仅有某些非平衡系统的特征才可以揭示相对平衡态的偏离，这种偏离在原则上可以用来提取功，而其他特征，即使测量到了，但它们对于可提取功的能源来说是毫无意义的。因此，不论麦克斯韦妖怎样努力，它得明确该测量非平衡系统的哪些特征才可提取功。可麦克斯韦妖怎样知道是测量这些有用的特征，而不是那些无用的特征？而且就算测量了，宇宙中能提取功的耦合又是怎样得以存在的？我觉得一口咬定可以提取功是不充分的。而且，功是怎样被提取的呢？

能探测相对平衡态的偏离并提取功的一个简单装置就是风车。风车上的风标可以有效地测量风的方向，而且还可绕着风车的轴转动，使得风车的叶片边缘与风垂直。而风又可对叶片边缘做功，使得风车旋转。这个系统在整体上测量了相对平衡态的偏离（即风的方向），并使风车处于可以通过风来提取功的状态。而事实上，风车也真正地提取了功，因为风车转动了。

从银河系到行星系，还有我们的生物圈以及或许其他的生物圈，这整个宇宙充满看各种各样的实体。这些实体测量了相对平衡态的偏离（即能源），并的确提取了功。看一看早期繁忙的共同演化的微生物群落，在它们身上也体现着由太阳和其他高能源所触发的放能反应和吸能反应，并且这个群落测量了相对平衡态的偏离，提取了功，然后定居在 30 亿年前的曼哈顿。它的确构建了一个略为高级的微生物生态系统的大致轮廓，而其后代则在如今的克兹海（Sea of Cortez）和澳大利亚的大堡礁（Great Barrier Reef）构建着类似的结构。

那么，所有这些都从何而来，比如，可以揭取功的相对平衡态的偏离的有用测量，与这些测量结果相关的装置以及用来制造



新装置的功的提取，这种新装置如何能通过新的途径测量相对平衡的新偏离以提取功？生物圈从阳光、水和一些很少的化合物构建了自身。在整个进化的时间里，生物圈的的确确在持续地测量相对平衡态的偏离并从中提取功，也的确确发现了结合这些能源的“装置”使得功能够被提取。

既然生物圈可以这样做，而生物圈又是宇宙的一部分，因此，宇宙也可以这样做。自我构建的生态系统的存在，在某种程序上必定属于物理学，但重要的是，目前在物理学上对此问题还没有任何理论。生物圈构建了让人为之惊叹的复杂性和多样性，这表明我们当前的物理学遗漏了某些很基本的东西。生物圈越来越复杂，宇宙也越来越复杂。我认为正是生物圈的多样性和复杂性才导致了它更进一步地多样化和复杂化，宇宙亦然。

在讨论完麦克斯韦妖之后，我想问物理学家一个问题：什么是功？物理学家会说，功是力与距离的乘积。它是一个数值，是标量，代表着通过一段距离所作用的力的总和。但结果表明，在某些功的特例中，特定的过程总是以某种特定的方式被组织起来的。功不仅仅是力与距离的乘积。事实上，功是一种受限制的能量释放，是将能量释放到拥有较小程度上的自由。正是限制自身与菲尔·安德森（Phil Anderson）所说的刚性一道形成了过程的组织。另外还得注意，在许多情形下需要消耗功来构建限制。因此，我们可得到一个非常重要的循环：功是受限制的能量释放，但同时又得消耗功来构建限制。

在此牵涉许多概念。这些概念都是有关物质世界和生物圈的进化中组织的渐进突现的。而这些突现的组织关心的则是在实体的演化中，测量非平衡系统的一些相关性质，而不是不相关的性质，并通过这些相关性质识别能做功的能源。而且这些实体能构建已识别能源的限制，并与这些能源耦合，由此真正地释放能量和做功。而这些功往往用来探测进一步的能源，并构建进一步的



能量释放时的限制，当能量释放后，这些能源又可构成功，而功又可探测能源和构建能量释放时的限制。值得一提的是，目前对此还没有形成理论，甚至连一点思路都没有。

解开这谜团的核心在于正确理解“组织”和“繁殖组织的多样化”。更重要的是，这个谜团涉及自大爆炸以来，各种联系着的物质、能量和过程之结构的历史性呈现，并通过它，生物圈或宇宙中才得以存在各种各样的不断增加的物质、能源和过程。这就是真正摆在我们面前的东西，也是我们无法心领神会的东西。生物圈的确完成了所有这些奇迹。40亿年来，我们生物圈的创造性就是如此令人敬畏却又让人费解。你怀疑过它吗？睁大你的眼睛看看周围吧。

自大爆炸以来，宇宙就一直处在非平衡态，而且还是非常的偏离非平衡态。在平衡热力学的发展史上，认识到平衡气体系统中做热运动的能量不能被提取来做功，是有深刻意义的。我们可能会问一个类似的问题，是有关早期宇宙近乎无特征却又非平衡的问题。在缺乏某种特定结构和过程的情形下，非平衡的宇宙是怎样将大量的能量与各种事物的产生结合起来的呢？部分答案在于对称性的破缺。假定有一根杆垂直于地平面上，在某个时候，它会在引力的作用下倒下；在倒下之前，它所能倒下的各个可能的方向围成了一个圆圈，而一旦它倒下去，它便指向了某个特定的方向。正是面为倒下，使得杆打破了系统的圆形对称而有了一个特定的取向。另一方面，特定结构突现的部分原因在于宇宙的膨胀和冷却，伴随着一系列对称性的破缺，从而分离出了四个基本力，产生了夸克胶子汤，而夸克胶子汤冷却后就形成了其他基本粒子，然后是原子、简单分子、引力块^①、银河系、巨分子云

^① 引力块 (gravitating mass)：引力块在恒星、星系和星系群之间集结，而宇宙常数则是在与引力的抗争中持续扩张。——译者注



以及第二代恒星等。

随着对称性的破缺，物质和过程的种类也增加了，随着其种类的增加，成对的物质和过程的多样性就会大致以多样性的平方增加。因此，很有可能是特殊的自发过程与非自发过程以各种方式联系起来，捕获了自发过程的能源，然后这些能源又以受限制的方式流向非自发过程，从而产生了各种新奇结果。在这些新奇的结果中也包含了能够测量能源的新结构的构建。而在其他结果中，则会有新奇的非平衡能源的产生以及能与这些能源耦合的结构和限制的产生。反过来，这种耦合和限制又引导能量以某种特定的方式释放，而能量的释放可以形成功，通过做功又可以构建更加新奇的能源、测量结构、耦合和限制。简而言之，这就是不断多元化，不断构建结构和过程，不断传播和完善组织的宇宙。

在第二章中我引入了化学相邻可能的概念，在以后的章节中，我还会谈到这个问题。就分子多样性和其他类型的多样性而言，宇宙和生物圈在不断地出现相邻可能。具有新性质的新分子以及与其他分子相结合而形成的新分子不断地在地球上出现，或许也会出现在巨大的冷分子云上——它是孕育着恒星的大型气体尘埃星云。这些新分子带来了新的放能反应和吸能反应、新的限制、新的能源。不过，这些仅是窗外大自然所呈现的创造性的一部分。

什么是组织和过程的繁殖与完善，我们几乎无从说起；是否存在普适定律可以支配自我构建的非平衡过程，我们也没有丝毫线索。然而这个普适定律却正是我所希望的适用于开放的自我构建系统的热力学第四定律。

我们开篇谈到的是自主主体，但我们所涉及的内容却远远超出了生物圈。什么样的一般条件可以使得自我构建的非平衡过程蓬勃发展？生物圈是唯一的例子吗？对于行星、太阳系、银河系，乃至宇宙，其地质学的演化又是如何？你可曾想过这种结构



的突现，它能测量和探测非平衡系统中的能源，并与耦合了这些能源的结构和过程一道，来做功并构建限制，传播能量的受限制释放，从而使得更多的结构、限制和过程能够产生于不断演化的宇宙的相邻可能之中？

宇宙是高度多样化的，生物圈也是高度多样化的，是否这是因为非平衡的自我构建系统存在一种普遍规律或普遍趋势使它们多元化？我承认我的确是这么认为的。凭直觉都可知道，在非平衡系统中，如果结构、潜在的反应、结构中的各种变换、测量过程和测量装置、耦合装置以及已存在于传播结构中的限制、反应、功、测量结果、限制和耦合的构建等，如果它们的多样性越多，那么整个系统就越容易产生新的分子，或新的结构、新的过程、新的测量装置、新的耦合和限制等，以至于生物圈或宇宙能不断向它的相邻可能膨胀。而这些新的结构、新的过程、新的测量装置、新的耦合和限制又会增加整个系统的多样性，由此，在一个比宇宙年龄大得多的时间尺度上，越发向相邻可能膨胀，无休止地创造自动催化的新奇物。

简而言之，宇宙通过不断地产生新奇物，创造以前从未存在过的各不相同的分子或其他形式，而时时刻刻在打破对称性。事实上，在生物圈，甚至在宇宙中，一定存在某种普适定律遵循如下规律，即候选的第四定律：平均而言，生物圈和宇宙在尽可能快地创造新奇物和多样性而不破坏已经积累的传播组织，这种传播组织是发现新奇事物，并将新事物结合到其中的基础和核心。

自主主体是能够完成至少一个功循环的自我复制系统，并且在功循环中联系了放能过程和吸收过程。自主主体传播了催化、限制的构建、过程的组织，而这些又是构成自主主体的基础。自主主体是这个不断发展、不断变化的宇宙中出现以上过程的最非凡的多元化例子。



麦克斯韦妖

不管麦克斯韦 (James Clerk Maxwell) 是不是 19 世纪最伟大的科学家, 但说他与卡诺 (Carnot)、玻尔兹曼 (Boltzmann) 和达尔文一样伟大是无可厚非的。他最杰出的工作是给出了电磁场的麦克斯韦方程, 并首次将场的基本概念用到物理学中; 同时, 他对卡诺所提出的质疑, 即现今所称之为的热力学第二定律至今仍然令人感兴趣。

对于一个热力学孤立系统, 比如与外界没有物质和能量交换的充满气体的盒子, 假定盒子中有 N 个气体粒子, 我们可以给出这 N 个粒子的坐标和动量, 每个坐标和动量都可在三维坐标中的三个方向上进行分解。于是, N 个气体粒子的状态便可用 $6N$ 个数值加上一个盒子的边界条件决定。

由于粒子的 $6N$ 系统的所有可能状态都可划分为许多个状态的小体积元 (即微观态), 如第三章所说, 宏观态是微观态的集合。尤其是平衡宏观态, 它是具有如下性质的微观态的集合——所有气体粒子近乎均匀地分布在容器中, 速度也是具有一定特征的平衡分布, 并且麦克斯韦还亲自计算过这种平衡分布。平衡的宏观态还具有以下更重要的性质: (1) 平衡宏观态包含了大量的微观态; (2) 少数几个宏观特征量 (如温度、压强、体积) 就足以描述平衡宏观态。

针对微观态和宏观态, 我们得重新阐述统计力学中所给出的第二定律。我们可将其表述为: 在平衡态, 系统会遍历所有的宏观态, 使得它在平衡宏观态所停留的时间最长。这个表述并不排除这样的极端可能性, 即所有的 N 个粒子都聚集在盒子的一个角落。这样, 第二定律只是统计力学的一种统计规律。

但现在麦克斯韦来了, 还带来了一个“小家伙”, 姑且称之



为“麦克斯韦妖”。（我在这里使用“妖”一词并不仅是出于风趣。麦克斯韦妖几乎就是一个自主主体，就算我不如此定义，你也可以很快看出，它不仅能自己做出决定，而且还能作用于物质世界。我怀疑麦克斯韦和我们都是有意地挑选了这个词。事实上，物理学一个很奇怪的特点就是，处在“系统”之外的实验员总是忙于筹备实验仪器并将量子系统调到所需要的状态。那么，在一个完整的理论中，实验员自己，也就是每一个自主主体们，他们是这个理论的一部分吗？如果不是，那为什么不是？第六章我会继续谈到这个问题，因为它与我们不能有限定义生物圈的位形空间有关。）

麦克斯韦要我们再次考虑上述装了 N 个粒子的盒子。不过，假设盒子被一隔板分成了两个部分，而且隔板上安装了一个窗户，窗户里装有一块挡板。当挡板开启的时候，气体粒子可以通过窗户从盒子的左边穿到右边，也可以从右边穿到左边。

好，麦克斯韦狡黠地笑了。假定盒子中气体的初始状态处于平衡宏观态，通过平衡系统不能做宏观功，这是卡诺的核心思想。尽管气体粒子的随机运动含有大量能量，但这并不意味着可以利用它提取机械功，如推动活塞。下一步，麦克斯韦说，“假定我的精灵朋友操纵着挡板，只要盒子的左边有快速粒子接近了窗户，它就开启挡板，让这个比一般粒子要快、要热的气体粒子通过窗口进入盒子的右边；同样，也让右边的比一般粒子要慢、要冷的气体粒子进入左边。于是很快盒子的左边就变冷了，而盒子的右边则变热了。现在呢，”麦克斯韦不禁更加得意起来，“我们便可以通过盒子的左右两边的温差来提取机械功了，如推动活塞。”

你也许会有同感，麦克斯韦为统计力学和第二定律提出了一个非常严峻的问题，似乎精灵的操作可以回避第二定律。

麦克斯韦妖所带来的谜团一直悬而未决。直至里奥·西拉德



(Leo Szilard) 想到了一条妙计来“解救”第二定律。西拉德也是有一天在伦敦偶然想到了核链式反应从而促进原子弹和原子能的发展。西拉德作了一个计算，首次将熵的概念与新兴的信息的概念联系起来。“熵”是系统无序度的量度。记得我们曾经通过每一个宏观态所包含的微观态数来定义不同宏观态的体积，为简便起见，对每一宏观态的微观数取对数值。另外，每一宏观态被系统“占用”也有一定的几率，于是，用系统处于这一宏观态的几率乘上这一宏观态所包含的微观态数的对数值，再对所有的宏观态求和，所得的值便是系统的熵。

从统计意义上来说，系统的熵要么随时间增加，要么保持为常数。在平衡态时，它为常数。如果系统从最初一个几率很小的宏观态开始释放，那么在最初的一段时间里系统的熵很小，因为大多数宏观态都未被占用。然而，随着时间的增加，系统会遍历所有的宏观态，于是占有几率乘上宏观态体积的总和便会增加到平衡值。

西拉德在克劳德·香农^① (Claude Shannon) 后来所称之为的信息上迈出了第一步。西拉德大致意识到，当精灵让更快或更慢的气体粒子通过时，系统的熵在减少。而且西拉德还估计出了精灵区别一个粒子是快还是慢所要做的功。结果表明，精灵所要做的功，也就是所要用到的能量，等于后来将盒子中的快慢粒子分开后从系统中所提取的功。既然精灵做的功与后来从系统中所提取的功相等，于是根本就没有从平衡系统中提取到净功。第二定律得救了。

与信息联系起来还得归功于后来的香农，香农对通过电线传输信息很感兴趣。他很聪明地想到了最少的信号可用“是”或

^① 克劳德·香农 (Claude Shannon)：美国著名数学家、计算机学家、信息理论的先驱。他是发现二进制为所有信息基础的人，整个信息革命就是根源于此一认识。——译者注



“否”来表示。于是便可用二进制的1或0代替，就是我们现在说的字节。香农把发送信号的系统的熵看做是可能被发送的信息，而且将真正被发送的几率加权于每一信息上。他把接收信息看作是减少熵，或者说减少不确定度，这一不确定度是对于最初给定的可能的信息中，真正被发送的信息的不确定度。于是香农再一次重新整理了熵的数学公式。每一个信息都可被看作是占用可能信息空间中的一个体积，于是便出现了一个信息的集合，而且每一信息均以某种几率从信息源发送。如果在整个信息空间中一个给定的信息所占用的体积是 p ，那么，这个体积的对数值便是“ $\log p$ ”，体积的几率则为“ p ”，于是信息的几率乘上几率的对数便是“ $p \log p$ ”。对信息源的所有信息的“ $p \log p$ ”作和就是信息的熵。至于从信息源送来了什么信息，接收者通过接收到信号后就可降低其不确定度，即得到负熵。香农的信息量度实质上是对通常我们所说的熵的量度取负。

西拉德实际上为信息和麦克斯韦妖之间搭起了一座桥梁。他的思想是，麦克斯韦妖得区别气体分子是快还是慢，它还得区别气体分子是来自于盒的左边还是右边，也就是它得开启或是关闭挡板，这种区别构成了从气体系统获取信息的一个测量结果，由此，降低了系统的不确定度，减小了系统的熵。

尤为重要的是，在讨论熵时，还有一个隐藏的观察着。物理学家很可能会说，系统的熵是由于我们将系统“粗粒化”为（任意）选定的宏观态。如果“我们”掌握了系统的更多的微观态的信息，我们便可通过“精粒化”以减少系统的熵。事实上，这将观察者的作用与他在熵的概念中或多或少有点粗粒化的任意选择完全混淆了。

洛夫·辛克莱（Rolf Sinclair）与华西契·祖莱克（Wojciech Zurek）提供了一条解决这种混淆的方法，他们用一组非常精彩的概念重新谈及了麦克斯韦妖问题。麦克斯韦妖操作挡板，实际



上就是它在对气体系统进行测量，当它完成测量后，它便“知道”了系统的许多细节，怎样才算“知道”了气体系统呢？一个有用的办法是麦克斯韦妖能对气体状态作简洁描述。而且平衡态的简洁描述是要多简洁，有多简洁，如三个宏观变量温度、压强、体积便足以描述平衡态。

简洁描述一个比较时新的观念便是计算机程序。我们很容易把计算机程序看作是计算机工具。给它输入数据，它使用某个程序处理这个输入的数据，然后得到答案，当然，输入的数据和程序都是一串二进制符号1和0。于是，简洁描述的概念是指输入数据和程序所具有的最短符号串。因此，为了最大化的压缩输入数据和程序的符号串，我们必须删除一些累赘的符号串。

辛克莱和祖莱克各自独立地完成了这项工作，最后得到的结果都表明：随着麦克斯韦妖开始操作挡板，它对气体系统的了解也随之增加，于是系统的熵便减少了。但同时，随着麦克斯韦妖对系统信息的增加，那么，对系统所作的最简洁描述的长度也在增加。事实上，平均而言，最简洁描述长度的增加速度与系统的熵的减小速度一致。

但是当最简洁描述的长度一个字节接一个字节地增加时，信息的内容也会逐字节地增加。这样，通过我们的测量使气体系统的熵逐字节减少时，最简洁描述的信息内容一般也会以大致相同的速度增加。或者，如祖莱克所说，也是比较现代一点的解释，气体系统的熵加上观察者对系统的了解，其总和在平衡态时是一个常数。

好，我们继续假想下去。假设我们能利用所有测量结果所得到的微观态的信息从已经测量的系统中提取功。不过，辛克莱指出，从长远观点来看，这种办法是行不通的。我们得在某个地方记录下气体系统的信息，比如存储在硅芯片上。在密闭系统的某个点处，芯片一定会被填满了字节。为了继续测量平衡系统，我



们不得不刷新芯片。而且辛克莱还借鉴了西拉德的方法作了计算。计算结果表明，刷新存储信息所消耗的能量完全平衡了我们通过对系统存储信息所获得的功。在统计观点上，第二定律再一次得以成立。不可能通过平衡系统做功，因此也无须在平衡态时做测量。

为什么要作此长篇大论？因为如果系统不处在平衡态，我们就得对系统做测量。考虑一个简单的例子，假定盒子左边的气体粒子确实比右边的粒子要热，于是左边的压强便比右边的高。开启挡板，气体必然会从左边流向右边以达到平衡。一个简单的简洁描述便可抓住非平衡系统的这些特征，而且当气体趋向平衡时还可提取功。

更一般的，祖莱克指出，随着对非平衡气体系统的测量，最简洁描述的长度比所获得的减少系统熵的“了解”增加得更慢一些。于是，必须对非平衡系统进行测量，因为对于那些指定了相对平衡态的偏离的测量，其偏离可以构成能源，而又可利用能源来提取功。

因此，麦克斯韦妖在物理学中占有举足轻重的地位，因为它将物质、能量、信息、功都联系起来了。

让我们再来看一看功是如何被提取出来的。如上所述，装有理想气体的盒子被一带有窗户和挡板的隔板分开。利用以前所提到的微型风车，风车由叶片和垂直于叶片的风标组成。让风车位于系统中窗户的附近。如果挡板开启，则有短暂的风从左边吹向右边。风车的风标可以测量风的方向，并使风车的叶片边缘与风垂直。风使叶片旋转，而旋转的叶片则可从系统中提取机械功，直到系统最终达到平衡态。

但现在我们得暂时停下来并作一下回顾。因为麦克斯韦妖的故事虽然引人入胜，但却是不完备的。比如我们的微型风车，要探测到整个系统的哪些特征才可提取功呢？或者简单地说，可以



有风从左边吹到右边。

并不是“两室系统”的所有测量结果都可成为有用的信息，也就是在目前的情形下通过现有的盒子都可提取功。举例来说，带有挡板的盒子分为左右两边，假定盒的左右两边等大，并装有相同数量的气体分子，且左边的气体比右边的气体热；而且还假定麦克斯韦妖可以测量左右两边中所有气体粒子的数量和瞬间位置。我们知道左边的粒子比右边的粒子热，因而也运动得更快，但这并不能通过对左右两边中所有气体粒子的瞬间数量和位置显示出来。要比较粒子是否运动得更快，麦克斯韦妖必须测量两个时刻的位置或其他特征，比如相对隔板的反冲（即左右两边的热冷气体粒子从隔板上反弹回来后，将其动量传递给隔板）。因此，麦克斯韦妖怎样决定测量或开始测量某些相关的性质，以至于能成功地识别能源，从而提取功（图 4.1）？

事实上，目前我们仍无法给出答案。

但这是一个根本性问题。只有非平衡系统的某些特征被测定了，才能揭示相对平衡的偏离，才能真正地提取功。而其他特征，即使测量了，就相对平衡态的偏离而言，也是毫无意义的，是不能递过给定的任意特殊系统来揭取功的。

何谓之“有用”？“有用”一词已超出了自主主体的范围。有用的测量结果可以探测到相对平衡态的偏离的特征，而这些偏离又可以揭示能源，并从中提取功。从这个意义上来说，在生物圈里，地圈层内，或银河系中，只有某些测量结果才是真正有用的。这些有用的测量结果可与提取功的设备共同合作来提取功，而功在生物圈、地圈层、银河系，甚至宇宙的结构和过程的逐渐构建中，又可构建新的测量和功的揭取结构。这种构建过程也是宇宙为什么如此复杂的部分原因。

我相信我们最终将会创造一个概率统计理论，它包括奇特过程、结构和能源的产生，测量结果的增值，有用能源的探测，以

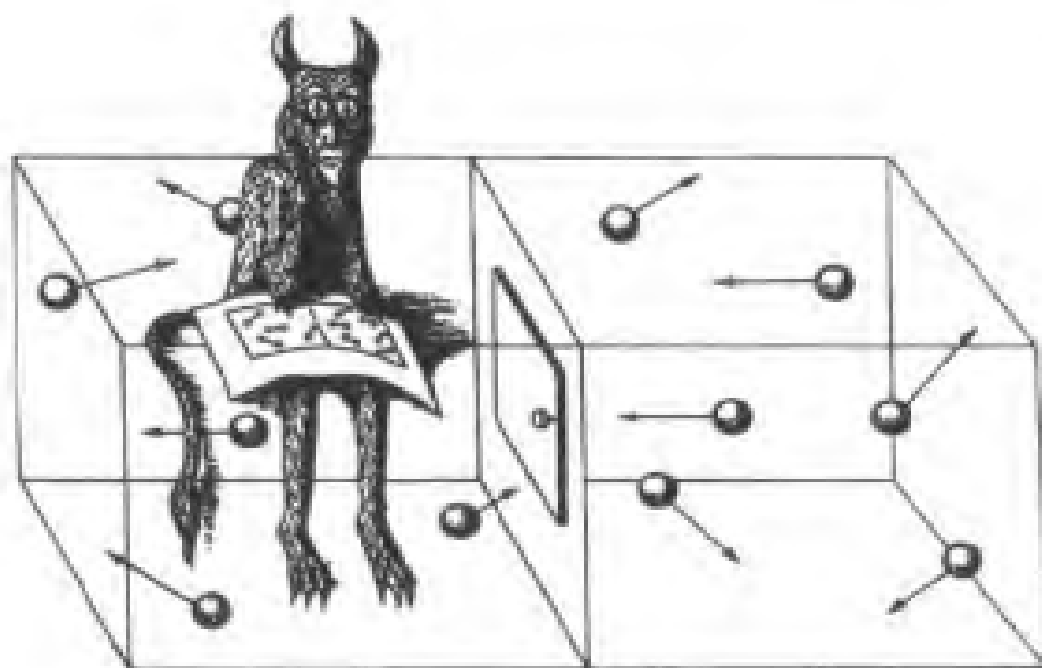


图 4.1 麦克斯韦妖无所遁从。麦克斯韦妖正在考虑在它所处的气体系统中，它该测量系统的哪些特征量才能探测到系统的以某种方式相对平衡态发生了偏离，从而可以提取功。不幸的是，它决定测量系统某一时刻所有气体粒子的位置。这种测量即费神，又不能探测到从中可以提取功的相对平衡态的偏离。麦克斯韦妖如何才能知道该怎样测量呢？（由索列 [R. Sole] 提供）

及将结构和过程耦合到能源中以进一步构建新的结构。能源和过程——所有这些都是现有结构、转换过程、测量实体和耦合实体的多样性的函数。不论是对巨大的冷分子云，还是对早期的原始行星，还是对整个不断扩张的宇宙而言，这样的统计理论必须是可构建的。而且我们所建立的这样一个理论，其对称性破缺将会在结构和过程的多元化构建中，导致进一步的对称性破缺。第二章所讨论的自我复制的分子系统的起源就是这样一个统计理论的部分原型。自我复制的分子系统是“催化化学反应图”中一种超



临界行为的相变，而“催化化学反应图”则是分子多样性、反应与分子种类数的比值的函数。第三章所讨论的自主主体则是其更进一步的原型的一部分。自主主体作为一种自我复制的物质系统，能成功地测量相对平衡态的偏离，也能成功地耦合放能反应与吸能反应以获得完整的功循环。在全球经济体系中，耦合了放能反应和吸能反应的错综复杂的网就是物质世界中繁殖构建的确凿证据。在第十章中我还会讨论与这个理论相类似的量子情况。其中，耦合的复杂量子系统往往会不可逆地“消相干”到经典行为，并由此构建复杂的经典结构。

有必要解释一下前面所提到的“真正地”和“任意特殊系统”。假定盒中只有一个气体粒子。用截断盒子的任意表面加以判断粒子是在左边，还是在右边。这里的“任意”是指我们可通过在盒子里任意放置隔板来兑现我们所做出的判断。如果我们知道粒子位于一个任意给定的隔板的左边，原则上我们可以使粒子穿过隔板中的窗户来提取功，因为当粒子进入盒的右边时，会对叶片做功。因此，在原则上看来任意的测量都可探测到用来提取功的能源。

然而，对单粒子系统的任意测量都可探测到相对平衡态的偏离并从中提取功，这个结论并不成立。上面所讲的“原则上”包含两层意思：第一，可任意放置隔板和测定粒子在隔板的哪一边；第二，通过以上的任意测量，可探测到相对平衡态的偏离（即能源），这样，我们才能确定一个利用相对平衡态的偏离从已测定的非平衡系统中提取功的构建程序。简而言之，只有当测定了气体粒子的位置之后，才可在系统中放置风车。我们先测量，然后将风车放于没有气体粒子的隔间里，使得粒子穿过挡板时，能造成风车轻微的转动。

要是我们已经构建了提取功的系统（如微型风车），也已经在盒子的一个特定位置安装好了风车，接下来该怎么办？我们可



以通过在盒中放置隔板来做任意的测量，然后确定气体粒子的位置。也有可能我们随意放置隔板时，会使风车和气体粒子位于隔板的同一边，而不是使得预先安装好的风车处在没有气体粒子的一边。于是，气体粒子将会不断地从不同角度撞击风车叶片，然后反弹回来，叶片将不会发生任何的净旋转，因此也没有净功可以提取。

在一个具体的事例中，如果我们无法改变用来提取功的结构（如风车的位置），但我们可以在提取功的系统处于恰当的位置时进行测量，这样，非平衡系统的某些测量结果可以探测到能源，这些能源可以与用来提取功的结构耦合，以至于功能够被提取。那么，非平衡系统的其他测量结果都是毫无用处的，因为没有能源可以与用来提取功的系统耦合。

我们发现此处暗藏玄机。对于一个给定的非平衡系统，只有某些特征被测量到了，才可探测到能源，这些能源又可耦合到其他过程中去，如通过做功传播宇宙中宏观改变的过程。而且，微型风车就是这样一个例子。它不仅能探测到从盒子的左边吹向右边的风，而且也能使叶片与风垂直，并且还能在它的结构中体现耦合和限制，使得机械功能真正被提取。

这简直是太美妙了。但要知道是我们建造了这样的微型风车。那么，对于这种既可以识别能源，又可以做功的耦合结构，它是怎样在宇宙中得以存在的？毫无疑问，生物圈中的这种实体是以共同演化了的千年万载的自主主体的形式存在的。于是，许多新的问题也应运而生。也许宇宙之初简单、均一、无特征，而且几乎各向同性，然而现在它却非常复杂。也许地球之初只有些许复杂的分子、化学反应和相互联系的结构与过程，然而现在它早已万象更新。

宇宙亲眼见证了新奇结构和过程的诞生，生物圈也不例外。万物之初没有不同，差异是后来产生的。不同结构和过程的持续



突现也就持续地打破了宇宙的对称性。是什么助长了这显而易见的繁殖的多样性？也许可以这样解释：再次考虑带有挡板的盒子，只是用小云母片取代了叶片。让云母片悬浮在盒的左右两边中比较冷的一边。如果挡板“开启”，就会有短暂的风从热的一边吹向冷的一边，这是一种简单的相对平衡态的偏离，那么，此时云母片这种简单装置就会颤动，于是便提取了机械功。

让我们再来看看反铁磁材料的例子。这种材料有磁极，而且往往是异性磁极相吸引，北极总是向南极靠拢。如果让反铁磁材料排成一条直线，则它有两个等价的最低能量的“基态”，NSNSNSNSN 和 SNSNSNSNS。假定最低能态中的一个发生了微小偏离，变成 NNNSNSSN，不再是彼此交替地出现 N、S 极，而是出现了一串 NNN 和 SSS。如果磁极能够翻转过来且与两个基态中的任何一个更接近，那么整个系统的能量就会降低。在足够低的温度下，系统能够趋向或停留在基态，不过，NNNSNSSN 这种反铁磁体已经偏离了它的最低能态的平衡态，原则上，当系统从两个最低能态中的任何一个释放时，是可以从中提取功的。但要注意，与通过云母片探测风的方向相比，我们得做一些更为复杂和精密的测量。首先测量仪器要能探测到从平衡态的轻微偏离，而且利用偏离来提取功的设备也要相应地比较精密。简单地说，测量仪器与反铁磁材料具有相似的复杂性。事实上，如果第二个反铁磁体与自己的基态很接近，又贴近于第一个反铁磁体，那么，它是可以作为测量仪器的。如果第一个反铁磁体具有 SSS 和 NNN，我们使之与第二个反铁磁体相近，第二个反铁磁体具有基态的 SNS 和 NSN，这样就可以使得第一个反铁磁体发生翻转，从而更靠近它的基态。因此，这种测量-检测-提取装置不论是在结构上还是在功能上，都比一个薄平而晶体的云母片要复杂得多。

存在于分子自主主体（即细胞）中的放能和吸能的有机化学



反应，很好地显示了这种结构和功能的精密性。两个复杂有机分子上的电荷分布，让它们彼此靠近，并与平动、振动和转动模式相结合，那么，这种电荷分布就可精密地测量相对平衡态的偏离，再与这些偏离相结合，就可获得相互连接的被催化的放能反应和吸能反应。随着生物圈中分子多样性的增加，就会有更多分子发生了相对平衡态的偏离，就会有更多分子探测到这种偏离，从而就会出现更多这样耦合了的被催化的放能反应和吸能反应。

总的来说，实体的多样性越高，就会相应变得更复杂，那么，它们处在非平衡条件下的多样性和微妙性也会随之增加。反过来，这些不断增加的多样性和复杂性又使它们拥有更多的方式和更大的几率来耦合彼此，最终使得每一个实体能测量另一个实体相对平衡态的偏离。由此，这些实体就碰巧发现了一个能源，这个能源还能用来提取功，而提取的功又可驱动非自发过程以创造更多处于相邻可能中的复杂分子或其他实体。

简而言之，似乎在结构或过程的多样性与复杂性以及非平衡系统的多样性和复杂性之间存在一种积极的关系。这种关系能通过探测结构探测到，用以识别能源，并与能源结合，然后真正地提取功。如果有这样一种关系，非平衡系统的多样性和复杂性特征就跟能源一样，能被具有同等多多样性和复杂性结构的仪器很好地探测到，那么，在自大爆炸以来的宇宙或生物圈中，就会出现某种通用的“自动催化”过程，通过这个过程，具有不断增加的多样性和复杂性的非平衡系统就会出现，并为这些不断增加的微妙性和复杂性提供能源，而这种能源又可通过不断增加的复杂结构被探测到和提取到。

当然，以上文字只是为了起到抛砖引玉的作用而已。在我们的生物圈中，在过去的 40 亿年里，自主主体通过日积月累的共同演化得到了如此的多元化。细胞和有机体具备了精密的探测器，它能测量能源，并与耦合装置一道提取功，然后用功来构建



自身的大致拷贝。因此，细胞中的新陈代谢就是一个耦合了的化学反应网，简单分子、复杂分子和非常复杂的有机分子无所不包，从二氧化碳到由成千上万的氨基酸所组成的蛋白质。酶的催化位点对于反应中底物的过渡状态拥有很高的立体定向性，即形状特异性。^① 这种反应可以释放能量，或是将释放的能量与其他分子的吸能合成结合起来。细胞拥有许多混合受体来装饰它们的表面。将一个配位体结合到一个受体上将会触发一系列复杂的反应，导致成千上万的不同分子的合成。但是，细胞中分子相互作用的高度特异性正好可以说明为什么结构上和程序上都非常复杂的分子过程可以存在，这些分子过程能探测能源，并与能源耦合，然后将能源用于做更进一步的化学功、电功和机械功。

共同演化的生物圈成就了这种自我构建的多样性组织的实现。那么，银河系、行星系、恒星系或其他系统是否也重复着同样的过程，这是一个值得探讨的问题。再者，那些相互联系的结构转换系统，它们的增殖以及自我完善的统计理论的概率又是如何的？

功

让我们转向“功”的概念。

我有十分充足的理由说明功是个令人困惑的概念。菲尔·安德森是世界上最著名的物理学家之一，我一直为有这样一位密友而深感自豪。记得有一天在圣菲的一个印度晚宴上，我的脑海里又涌现出了这些恼人的问题。我对菲尔·安德森说：“菲尔，功的概念太令人困惑了。”菲尔拿了一片印度煎饼，涂了点酸辣酱

^① 形状特异性：酶的三维结构决定活性部位的所在。活性部位的形状与所要作用的底物形状相吻合，它们可以像钥匙与锁一样互相匹配。正因为如此，酶的作用表现出特异性。只有形状吻合的底物才能被作用。 译者注



在上面，然后顿了一会儿说道：“是的。”

谢天谢地。我不是物理学家，却很荣幸得到了他的认可。

还是让我娓娓道来。首先，物理学家对功的定义是：通过一段距离所作用的力的积分。物理学家总是念念不忘牛顿定律 $F=MA$ 。大家都知道，这里的距离是经典的非相对论的距离。于是将作用在一个物体上并使它加速的力与通过一段距离后所产生的所有的增量作和，便可得到功。

然而以上有许多疑点。举任何一个做功的具体例子：在三维空间中力的施加方向是确定的，物体运动的方向是确定的，并且某些耦合机制也恰好使得作用在物体上的力与它加速的方向一致。这个方向是怎样被“确定”的？具体事例中功的组织是如何产生的？

按常规物理学，如大学里所教的物理学，它就认为所有这些“确定”在问题一开始就作为初始条件和边界条件给出了。台球桌上的台球处在如此这般的位置，然后以如此这般的速度移动，打击处在如此那般位置的一个球。现在，利用牛顿的微积分计算出桌上的球向前运动的轨迹。然而初始条件和边界条件从何而来，还有球的特定移动路线，这些都“隐藏”在“问题”的初始条件和边界条件中，隐藏在牛顿如何教我们进行计算之中。简而言之，在功的具体事例中，有关过程的组织问题都隐藏在物理问题中或通常所说的初始条件和边界条件之中。事实上，这种选择就是对“相关”自由度的选择，它等价于对与系统的力学变量相关的边界条件的选择。

然而共同演化的生物圈包含了所有宇宙中复杂的且多样性不断变化的初始条件和边界条件。这些初始条件和边界条件构成了共同演化的自主主体，自主主体能够探测能源，并将这些能源耦合到系统中以提取功。在下一章我还会讨论是否可以有限地预言生物圈的初始条件和边界条件，我可以断言这是不行的。我认为



我们不能有限地预言生物圈的位形空间。因此，我们也就不能有限地预言生物圈的初始条件和边界条件。

如果是这样，我们就不能将做功过程的组织问题寄托于生物圈的初始条件和边界条件。我们必须让组织的实现和繁殖得以自行解决。如果是这样，也许一生取得过辉煌成就的牛顿教我们做科学的方法是有失偏颇的。

让我们再回过头来看看功。对于一个孤立的热力学系统，在平衡态时系统不做功。如果用膜将系统分成两个或两个以上的区域，那么，系统的其中一个区域就会对另一个区域做功。例如，让某一区域的平均压强比另一区域的大，那么这一区域就会使膜向那一区域凸起。

膜从何而来？系统怎样被分开？这仅是隐藏的另一个初始条件或边界条件问题吗？物质和过程的组织从何而来？而且注意到功的概念要求宇宙被划分，而且划分的区域要相互区别以至于功能产生，至于宇宙被什么和被谁划分就不得而知了。

记得阿金斯（Atkins）在他的有关第二定律的书中给出了一个功的定义，我比较喜欢。他将功定义为“受限制的能量释放”。阿金斯认为，功是一种“物”。

重新回顾一下理想卡诺循环中的汽缸和活塞，汽缸中封闭着热的、被压缩的工作气体，那限制是什么？限制就是汽缸和活塞，活塞在汽缸中的位置，活塞和汽缸间的润滑程度。这些限制条件与汽缸顶部的被压缩的热的气体一道就可以产生功了。功的产生是由于气体膨胀并推动活塞的缘故。

限制条件从何而来？事实上，在目前这个例子中，是人及人造的机器做功建造了汽缸和活塞，并将活塞装在汽缸中，还封闭了一定体积的工作气体在里面，而且还使得汽缸与活塞间有一定的润滑度，并且当从外界向上推动活塞压缩气体而使气体变热时，还做了更多的功。



因此，我们可以得到一个很有趣的循环。消耗功可以构建限制，利用限制又可得到功。

一定得消耗功才能构建限制吗？不。通常得消耗功才能构建限制吗？是。在以上的例子中，用来构建限制的功只是一种自发过程与非自发过程的耦合而已。但我认为这正是自主主体中所必须发生的。对整个宇宙而言，从现有的无以数计的多样性一直追溯到**大爆炸**时期，是否能量释放时的许多限制的形成都与自发过程和非自发过程的耦合有关？是的。它们的关系是什么呢？我再重申一遍。宇宙充满了能量源。具有日益增加的多样性和复杂性的非平衡过程和结构不断出现，它们形成了能源，也探测和捕获了其他能源，还构建了形成能量释放时的限制的新结构，并由此推动这些非自发过程去创造更多的新奇过程、结构和能源。

我很高兴我们几乎没有运用什么概念来陈述这些观点，因为迄今为止，对于这些过程和结构，还尚未找到一个统一的理论。然而无论它是什么，都是生物圈一手造就的。内布拉斯加 40 亿年前一片荒芜，而现在却已面貌全非。

传播功

图 4.2 和图 4.3 纯属异想天开。图 4.2 画的是一个**大炮**点燃了一颗**炮弹**，炮弹砸在地上某处，出现了一个坑。在坑的底端会出现热的泥土，我们简称为“**热泥**”（大炮、炮弹、坑、热泥均在图中标明）。

图 4.3 给出的是一个**戈德堡**（Rube Goldberg）装置，^① 对此我一直引以为荣。还是图 4.2 中的大炮点燃了同样的炮弹，只不

① 戈德堡装置：戈德堡是美国卡通画家，以展示巧妙但不必要的复杂而显得颇为荒谬的机械发明而闻名。戈德堡装置指为了某种简单需要而夸张地使用一整套显然与这些目的极不相称的复杂机械装置。——译者注

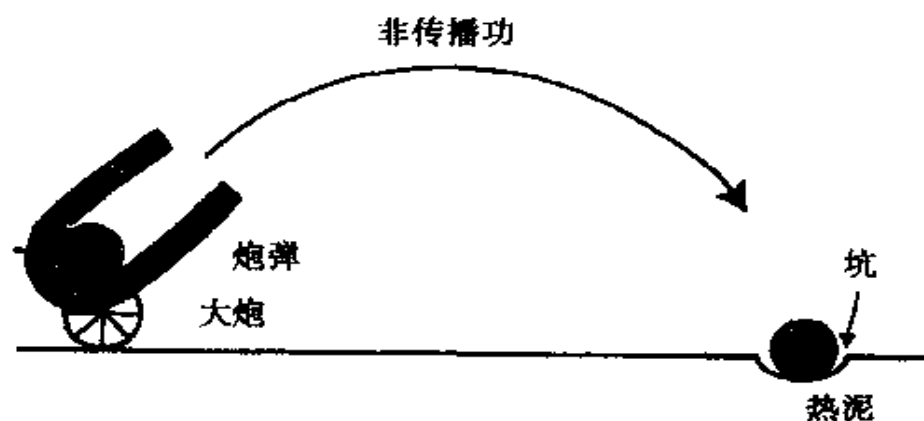


图 4.2 非传播功。一个大炮点燃了一颗炮弹，炮弹砸在不远处的地面上，并在地上砸了一个坑，坑中间出现了热的泥土。

过炮弹打在一个我制造的结实的桨轮上。桨轮一旦被炮弹打中，就会旋转。在发射炮弹之前，我将一条红绳的一端系在桨轮的轮轴上，而另一端则系在一个大小适中的吊桶上，装满了水的吊桶静候在井中。当炮弹打中了桨轮时，轮子开始旋转，将红绳卷紧，于是便把装满了水的吊桶提上井来，并与轮轴接触，轮轴将吊桶打翻——此处你最好加一点想象——水便流向了一个很长的管道里，管道从井的顶端一直向下延伸到我的大豆地里。当水从吊桶溢出并一直流到管道的末端时，便会推启一个挡板，然后浇灌我的大豆地。你看，这就是为什么我对我的发明引以自豪的原因了。

那么，图 4.2 与图 4.3 的区别是什么？两图中所给出的大炮和炮弹只是为了强调它们有相同的总能量输入，火药的爆炸明显是相同的，因为炮弹的射程是相同的。显而易见，图 4.2 中，炮弹所携带的大部分能量都以热的形式耗散了，并导致泥土中分子的随机运动。事实上，我原本想让炮弹发射到一块大的钢板上，而不是砸在泥土里。若是换成钢板，不会有洞，但钢板会发热。

在图 4.3 中，我的戈德堡装置得到了一个初步的宏观结果的

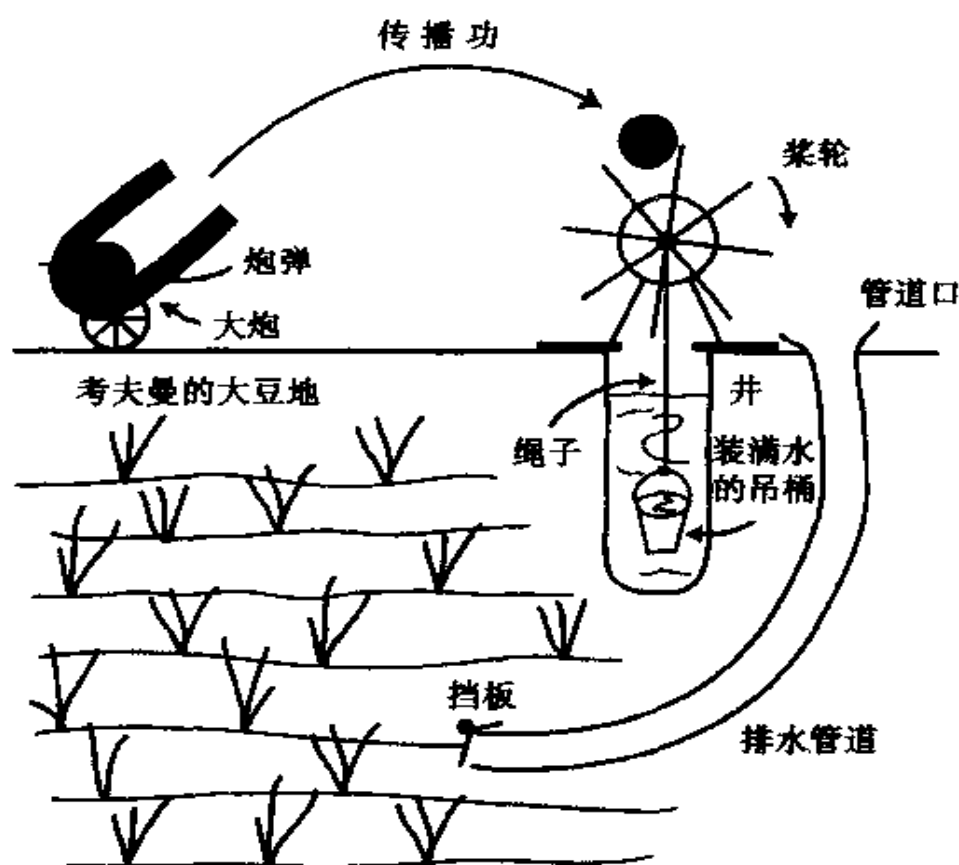


图 4.3 经过我的戈德堡发明而实现的传播功。还是上幅图中的大炮点燃了同样的炮弹。不过，这时大炮打在了我设计的结实的桨轮上，桨轮放在我挖的井旁边。我将一根红绳子的一端系在桨轮的轴上，一端系在吊桶上，吊桶放在井中，里面装满了水。被打中的桨轮旋转，将红绳卷紧，于是便将吊桶提出井来，吊桶碰着了桨轮的轴，水泼了出来，正好流到旁边的管道里。当水顺势向下流到管道的末端时，将会开启一个挡板，从而浇灌我的大豆地。我觉得我的发明对农业技术也颇有价值。

传播，当然你也可以搞得更复杂，这得有赖于发明者的才华了。首先要注意的是自发过程和非自发过程的联系——代表传递能量的炮弹的弧线（其能量使轮旋转，并提起装满水的吊桶），另一



个要注意的是无处不在的限制，这种限制协调了能量流入特定的，甚至有点儿滑稽的事件中去。

事实上，我的精巧的戈德堡装置并没有展示我所想要表达的全部内容，因为它没有给出如何利用能量的释放来构建限制。不过，对我的装置作一点巧妙的改进，就可以构建限制了。这也是我的得意之处。我们这样来改进装置：当炮弹撞击桨轮并使它旋转后，向下扎入地中，在泥地里砸出了一个长而窄的沟，沟中多出的泥土堆积在地面上。沟一直延伸到大豆地里，可以引导从吊桶里溢出的水一直流向大豆地。炮弹在泥地里砸出的沟便构建了能量释放时的限制，而水由于引力作用流向大豆地也是一种能量释放时的限制。

我的戈德堡装置传播了功，它成功地在物质世界创造了一系列协调性的宏观改变。我不知道该如何正式地定义“传播的功”，因此也找不到更好的表达，只好用图 4.3 给出我所想说的。

想必大家的脑海中已有了—些概念，功是受限制的能量释放，通常限制又是功的结果。我已经尝试过定义自主主体——自主主体是能完成至少一个功循环的自我复制系统。这使我们认识到自主主体必须是非平衡的，即它储存了能量。说起功循环，我们会不由自主的想到麦克斯韦妖和测量——什么时候而且为什么要测量，需要测量非平衡系统的哪些特征才可构成能源，积聚能源的耦合是怎样出现的，功和限制又是如何完成的以及由于限制形成、物质和能量的流动又如何出现了传播功。

下一步便是了解这样一类众所周知的自主主体，即一些诸如酵母菌、细菌，你我的细胞之类的真实细胞，它们真正地连接了自发过程与非自发过程，并将其耦合到构建能量释放时的限制中去。能量一旦被释放，就可形成功，功又可传播形成更多的功，构建更多的能量释放时的限制，限制又可构成功，功再传播功。

图 4.4 是一个细胞的示意图。图中给出了一个双脂膜以及不

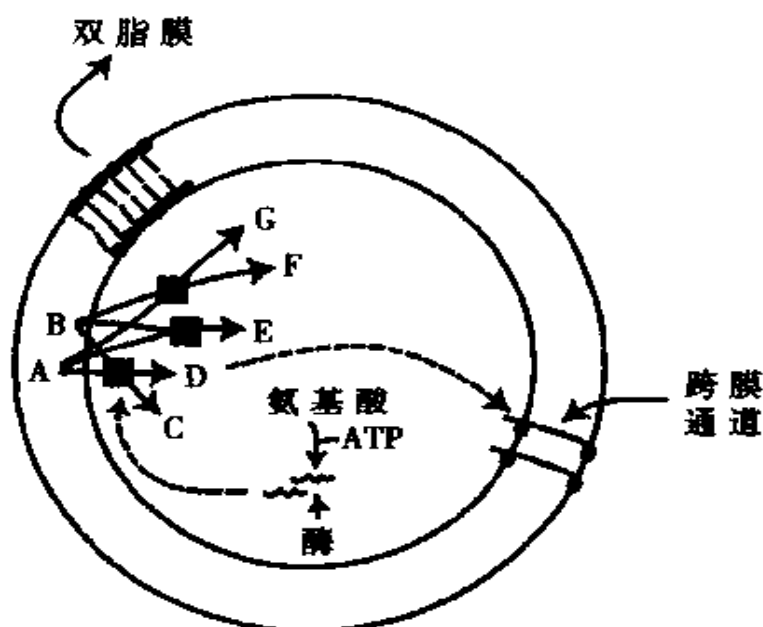


图 4.4 细胞完成传播功和构建限制（见文中）。细胞被一个双脂膜围住，而双脂膜的合成是需要做功的。处在膜中间的小分子 A 和 B 通过改变它们的振动、转动和平动模式，也就因此改变了形成产物 C 和 D，或 E，或 F 和 G 这三种反应的势垒。通过放能合成的酶结合了反应 $A+B \rightarrow C+D$ 的过渡状态后，降低了这个反应的能量势垒，使得能量可以受限制地释放。释放的能量可以用来做功，这时小分子 D 扩散到跨膜通道中，然后与通道结合，并对通道做功，从而改变它的位形，使得离子能够进入细胞。

同的小有机分子 A、B、C、D、E、F、G 和一个跨膜通道。相信吗，你的细胞就正在做热力学功以便从小分子构建脂类，而能量则是由 ATP 到 ADP 的分解提供的，或是新陈代谢中一些类似的放能反应提供的。脂类是双脂层，可以降到一种低能结构。第三章也谈到过类似问题，脂类分子一端具有疏水性，一端具有亲水性。顾名思义，亲水性自然是喜欢水了。结果在水环境中，往往脂类所形成的双脂膜，其亲水的一端朝着水溶液，而疏水的一端则远离水溶液。其实，若你取一些胆固醇，或其他的脂类，或类



脂的分子，并将它们溶解在水里，它们则会自发地形成双层膜囊泡，我们称之为脂质体。因此，你的细胞会做热力学功形成脂类，而脂类又会自发地形成低能结构——膜。

膜构造了限制。看，A和B是小有有机分子，假定可以发生以下三个反应：A和B可通过“两底物两产物”的反应形成C和D；A和B也可发生化合反应形成一个单产物E；A和B还可经历另一个“两底物两产物”的反应形成F和G。很自然，每一个反应都会通过不同的反应坐标得到不同的“过渡状态”。因为每一过渡状态都比A和B，或产物C和D，或E，或F和G，具有更高的能量，过渡状态的能量是一个潜在的能量势垒，减慢了从A和B形成三种不同反应的速度。

一旦让A和B通过“细胞”内部的水溶入双脂膜中，浸没在膜中的A和B就会改变其振动、转动和平动模式，或者说“自由度”，反过来，A和B运动模式的改变又会引起三个反应中每一反应的过渡状态的能量高度发生改变。

A和B所形成的三个不同反应，如果其潜在的能量高度发生了改变，那么反应的限制也就发生了改变。势垒的高度以及其他一些更高的势垒一起构成了限制，这些更高的势垒形成了反应坐标中的一堵墙，反应就沿着这堵墙进行。因此，细胞做了热力学功来构建储存在A和B中的化学能量释放时的限制，而储存在A和B中的化学能量一定要被释放了才能形成C和D，或E，或F和G。

而且，细胞是利用ATP降解为ADP来做热力学功的，以将氨基酸连接为蛋白质酶。酶扩散到膜中充满了A和B的区域，并以一定特异性结合到从A和B形成产物C和D的过渡状态中去。通过结合这个反应的过渡状态，酶降低了反应 $A+B \rightarrow C+D$ 的势垒，储存在A+B中的化学能量也被释放出来形成C+D。

这样，通过提升或降低势垒，细胞既可以做功构建限制，又



可以做功改进限制，使得化学能量被释放。而释放的能量能够而且经常用来增殖构建更多限制的功。也许产物 D 自身可以扩散到跨膜通道中，并与通道结合，然后通过内部旋转释放储存在它结构中的能量，到达一个较低能态，这样经过与通道结合并将能量加到通道中，然后打开通道，钙离子就能进入细胞中了。此时，自发过程和非自发过程也得到了耦合；而且通过能量释放时的限制，功在细胞中也得到了传播。一旦能量释放，限制就可形成功，功又可传播能量释放时的限制。

记录

下面我们来谈一谈“记录”。祖莱克使我们联想到了麦克斯韦妖，其中我们得保留对测量结果的记录，并利用这些记录的测量结果来提取功。对非平衡系统进行测量时，原则上要求从系统提取的功比做记录和刷新测量结果所耗掉的功多，此处系统便成了一个能量供给者了。

有趣的是，“刷新损耗”表明自主主体必须有限地相对平衡态发生偏离，以提供有限的刷新损耗和保持复制。另外，快速地复制也要求有限地相对平衡态发生偏离。

我们都知道很多有关记录的说法，但我想尝试着给出一个技术上的定义：记录是宏观状态，它能识别用来提取功的能源。

这样，我们便把记录看做是能识别已测量系统中可用来做功的能源的“记录结果”。在麦克斯韦的“两室”气体系统中，风通过窗户就是一个典型的例子。根据祖莱克的工作，我们坚信记录的复杂性与已测量系统中熵的减少息息相关。

记录有一些很有趣的特征：第一，就提取功而言，非平衡系统中一些无用的特征也可能被记录下来；第二，在能提取功的非平衡系统中，一些有用的特征在记录时也可能会出错；第三，记



录可能会过时，因此就不能再参考记录来提取功；第四，记录可能被消除和更新。上述特征在共同演化的微生物群落中都有可能出现。事实上，细胞中各种各样的信号记录和 guiding 着能源，并协调着群落中细胞内和细胞间的细胞活动。就改变能源、机会和危险而言，突变、重组和选择都是更新记录的手段。我们可以再次看到，群落中的细胞体现了“知其所以然”的谋生方式。

我们正竭尽全力地去理清一大堆相关概念，如功、限制的构建、传播的功、测量结果、耦合、能量、记录、物质、过程、事件、信息、组织，等等。许多人都认为，我们并不理解物质、能量和信息的关系，上述概念只会让我们眼花缭乱。我很怀疑物质、能量和信息的三联体是不充分的，而遗漏的“东西”必定与组织有关。乍一看，似乎我们对物质、能量、熵和信息已了如指掌，其实，我们对组织、组织的突现、自我构建的传播以及自我构建的完善根本就缺乏一致的认识。

纵然我们不能完全理解组织的概念，我们至少应该可以思考在诸如真实细胞这类自主主体中发生了什么。一个真实的细胞，一个真正的分子自主主体，它的确确实完成了自我复制，而且它还完成了至少一个功循环，并将自发过程与非自发过程联系起来。它探测并记录了能量，也做了功来构建能量释放时的限制，而且在能量以受限制的方式释放后，这些限制又可传播来做更多的功。因此，细胞总是在构建能量释放时的限制，或是通过驱动非自发过程来做功。细胞千真万确传播了功。

细胞中功的传播可获得一组传播的功任务中的闭合，使得细胞能构建一个它自身的大致拷贝。在以后的章节中我还会谈到“任务”的含义。按达尔文的分析，任务是一种因果关系的子集，这种因果关系是系统中某一时刻某一点上能量释放的因果关系。不过在此我暂且只想集中探讨一组传播的“功任务”中闭合的概念。



做晚餐，进餐，然后收拾残局，这是我们再熟悉不过的例行程序了。我们做了一系列协调性的工作来完成这个任务。理解完成一组任务的概念并不难。我们可以直截了当地说，细胞以它一种受限制的方式通过连接自发过程和非自发过程而得到了它自身的一个大致拷贝，如同我们进餐的“例行程序”一样完成了它的一组传播的功任务。

这样，一个分子自主主体可以具有两种不同的闭合：一种是“催化”的闭合，所有的反应都必须被催化，而且必须被系统中的其他分子成员催化；另一种是一组传播的功任务中的闭合，通过这些功任务，自主主体可构建一个它自身的大致拷贝，对此是无可非议的。

不过要注意催化的闭合和功任务的闭合都不能被“局部”定义。没有单个的反应，或单独的自发过程与非自发过程的连接可以满足我们所描述的这些闭合。这些闭合是环境中所有自主主体的集体性质。事实上，细胞可以在任务的更广范围内获得闭合，并通过这些任务，细胞传播了其组织。于是，细胞在随时完成测量并记录这些测量结果。在葡萄糖梯度中向上游动的细菌是我最初用来举证自主主体的例子。细菌之所以能这么做是通过分子“探测器”、分子马达和鞭毛来完成的。分子“探测器”用来测量葡萄糖；分子马达有着类似于定子和转子之间的旋转运动；而鞭毛可以在两个方向上旋转运动，一个是使细菌“向上游动”，一个是使细菌“向下跌落”。如果葡萄糖含量上升，细菌就会“向上游动”，否则，细菌会以随机方向“向下跌落”。

自主主体获得了催化的闭合和传播的功任务的闭合，通过这些闭合，它们构建了自身的大致拷贝。无数的探测器、受体、配位体、酶、新陈代谢反应等，它们都是复制的细胞自主主体的结构和动力，而自主主体则是测量、探测、记录和对有用能源的搜索的成因，并将它们结合到它自身的不断构建中。事件和组织的



传播闭合可以是一个细胞，或一群细胞，或是一个自主主体，或一群自主主体，但它绝不仅仅只是物质、能量、熵、负熵、香农的单一的信息。传播闭合是自主主体，这完全是一个我们以前闻所未闻的全新概念。

这才是组织的本质体现。我认为，我们对组织还没有达成一致认识。我们总倾向于认为事件状态的统计分布中的熵（有序或无序）才是组织的固有本质。但我认为熵是不足以充分说明组织的，熵无法涵盖我们所讨论的全部内部，比如催化的闭合和传播的功任务的闭合是生物圈中共同演化的自主主体。包含了任务、测量、记录和传播的宏观功之间的闭合似乎构成了“组织”的定义，一种通过举例给出的定义。

尽管我的有关组织的概念仍很粗浅，但其基本观点还是正确的。30 亿年前就得以存在的共同演化的微生物群落，通过达尔文的突变、重组和自然选择而逐渐变得无比多样化。这些微生物群落探测并创造了各种能源，并将这些能源与功循环以及其他活动耦合起来，最终构建了一个生物圈。自我构建的组织也相应地得到了传播，并且还正在继续传播。我们的地球就被这些传播组织（生命及其结果）覆盖着。

也许我们不禁会想到这样的问题，在非平衡的宇宙中怎样的条件才可使这种传播组织得以繁殖。当然，生物圈可使它繁殖。可以想象，在一个蕴含着水的行星上，有帆船、帆和舵柄，通过调整这些装置，使船永远环海靠左航行。此处的帆和舵柄对应于风车和风标，它们是为了使叶片捕捉风然后提取机械功。直观告诉我们，这充满着非生命的复杂实体的行星自大爆炸以来似乎不太可能是自发出现的。直观同样告诉我们，我们所讨论的内容对于传播组织的不断多元化看来已经足够了：达尔文的自然选择和遗传变异，复杂自主主体细胞系统的共同演化构建，以及这些系统不断地探测出能源、记录这些能源、耦合这些能源、构建限



制、连接放能反应和吸能反应，等等，似乎这些就足以构建一个多元化的生物圈了。

生物圈是宇宙中据我们所知的最复杂、集中、多元、琐碎和忙碌的。也许还有其他的生物圈，它们也在你追我赶地持续多元化。自主主体似乎是应用组织这个概念的充分条件，而由共同演化的自主主体所构成的生物圈则是传播这种自我构建的组织的充分条件。那么，宇宙中的其他结构和过程，它们可能不是自主主体，比如没有生命的银河系、恒星系、行星系、巨分子云等，它们能像生物圈那样产生和传播多元化组织吗，这仍是一个值得探讨的问题。

在结束这一章前，我想提一个问题，是否有某种方式可以“数学化”自主主体的概念以及由此来数学化传播组织的概念。也许答案就在于范畴论。在我的记忆中，我的朋友兼同事罗伯特·罗森(Robert Rosen)在他的《生命本身》(*Life Itself*)一书中首次提到了这个问题，以及这里所涉及的一些其他问题。

范畴论是数学中讨论映射的一个分支。在此首先要看定义域(domain)和值域(range)。我们可以将定义域中的点映射到值域中的点。这种映射可以是一对一的，也可以是一对多的，或者是多对一的。在一对一的映射中，定义域中的一个点只能相应地映射到值域中的一个点。定义域和值域可以是离散的，也可以是连续的。

范畴有一个特征就是，从定义域到值域的映射可以通过范畴自身以一种递推的方式给定，值域中的元素决定了从定义域到像域的映射。这种递推关系与自动催化有点类似。考虑定义域中的一组分子和值域中的一组分子，从定义域到值域的映射实质上就是一组反应，它将定义域中的“底物分子”变换为值域中的“产物分子”。现在自动催化组就有了这样的性质：值域中的某种产物分子，这种产物同时也是催化剂，“选择”了从底物到产物中



被催化的反应，也就是选择了从定义域到值域的某种特定的映射。因此，自动催化组可以被看做是某种递推范畴。

就催化闭合而言，引入范畴论还仅是一个开端。也许还有更为高级的范畴论，它包含了各种功任务、测量、记录以及催化的闭合，或许它还可以用来解释“自主主体”。当然，如此言论，为时过早。

另一方面，我并不认为仅有范畴论就足够了。在范畴论中，你得预先指定所要讨论的所有可能的定义域、值域和映射。在以后讨论新奇事物的进化时，我会指出，无法有限地预先指定构成自主主体的功任务、测量、记录和催化任务。简而言之，我认为我们不能预先指定生物圈的位形空间。是否不能预先指定生物圈的位形空间也就意味着不能使用范畴论来数学化自主主体和传播组织的概念，这也是一个值得探讨的问题。

总结如下：一个自主主体，或一群自主主体，是一个非平衡系统，它传播了新的物质、能量、限制的构建、测量、记录、信息和功。自主主体是一种新的过程和事件的组织。在过去的 40 亿年里，共同演化的自主主体的集体行为构建了这个生物圈。如果生命的出现是很普通的，那么宇宙中生物圈的完美也不足为奇。功、记录、测量和限制的不断传播，以及不断多元化的组织的传播，这些都展现了宇宙的非凡创造性。我们给出的课题是，在生物圈和宇宙中是否存在着支配这样一个非平衡的自我构建过程的普适定律。在第八章和第十章中，我还会继续探讨候选的普适定律问题。



第五章 物理语义学

《科学新领域的探索》的每一章都提出了一个新的领域、新的观点，但都不完全，仅是点到为止。然而，我只是希望能在黑暗中燃起一盏灯，照亮一些我们以前所未触及过的领域，探索未知世界。我们完全有理由怀疑几个世纪前由最好的哲学家和物理学家所推演出来的物理语义学。我们对世界的认识并不牢固。当第一次冰霜降临，白桦树开始在空中摇曳，那绯红的树叶也开始在空中随意飞舞；当池塘里结起了薄冰，年迈的长腿白鹭立在黑暗中冀盼黎明，它想知道为什么冬天是如此寒冷；当草地上水开始变成冰，小动物们不得不向更远的地方迁徙，也许，这个时候新的问题、新的事物在我们面前出现了。

我们缺乏对自主主体的物理定义。自主主体能够为了自身的利益而操纵宇宙——当白鹭得知冬天即将来临后，它们就会伸展翅膀，翱翔他方。白鹭跟原子一样，是物质实在的一部分，或许比名噪一时的夸克还要真实。就拿我们这些自主主体来说，我们为了自己的利益主宰着这个世界，我们用共同的语言表达我们的“意图”和“目的”，但是按照自主主体的定义，我们也不过是一类由特殊过程和性质所组成的物质系统而已。如果自主主体的概念是对生命自身的一个有用的或者说恰当的定义，那么自主主体将会从一个物质世界跨越到另一个物质世界，只是在这个新的王



国里，我们彼此互为“目的”。

语义学与目的是联系在一起的。果真如此的话，那就并不需要目的的携带，细菌就会自发地在葡萄糖梯度中向上游动。

我希望我对自主主体的定义是有用的——自主主体是完成了一个功循环的自动催化系统，具体来说，自主主体探测并记录了外部系统能用来提取功的相对平衡态的偏离，然后从它们的环境中提取功、传播功并构建限制。

知其所以然

我们被带回到 30 亿年前的混合微生物群落，这很合情合理，因为它们实际上就在我们现在所处的地方繁殖生长，大不了只是增加或减少了薄薄的一层表面地壳物质而已。

我想说的是，构成这个群落的自主主体不论是从个体上还是从集体上都体现了知其所以然 (know-how)，以求在组成它们世界的自然游戏中成功谋生。事实上，就像我以前所强调的，生物圈是一个自我连贯的共同构建系统，它包含有自主主体、谋生方式、搜索过程、突变、重组以及还有待考证的自主主体的行为搜索。这些被主体们搜索出来并掌握了的谋生手段以及它们的搜索过程成为了一种无处不在的“职位”，即生物圈中的大量的生态位。在这种自我构建的系统中，在自主主体的微环境中，除了单个自主主体的知其所以然外，还有一个广义的知其所以然。说白了，知其所以然是被分派的。没有哪一个自主主体知道整个系统是怎样运作的，就好像没有人知道全球经济系统是怎样在它的相互作用、交易、投机、期望和失望中运作的一样。

那到底什么是“知其所以然”呢？哲学家们区分了“知其然”和“知其所以然”。我知道怎样系鞋带，也正在学习怎样打击爵士鼓。“知其然”暗含了主张，更通俗地说，是人类的主张。



我知道月亮不是由绿色的奶酪制成的（这是他们告诉我的）。我知道地球绕着太阳转，我知道地球大致是圆的，我知道椅子是用来坐的。当人们在报道他们对这个世界的陈述时，“知其然”带来了一系列有关这些主张对与错的标准和非标准问题。就主张而言，也许那些被训练来仅掌握了这个世界的一些简单符号的高级灵长目也能“知其然”。

“知其所以然”不像“知其然”，它并不包含对这个世界的主张，它包含的是怎样在这个世界中谋求发展的程序上的知识。猎豹追逐牛羚，运动天才跳跃，他们都知道该怎么做。

细菌知道怎样在它的世界中谋生吗？我想答案无疑是“知道”。看一看大量基因的开启和关闭、新陈代谢的转换、机械运动、对葡萄糖梯度的感知及向更高的葡萄糖含量靠拢，看一看这些你便明白，细菌知道怎样谋生，尽管它不能说出它是怎样谋生的。但是你可以说出你是怎样系鞋带的，或者你是怎样娴熟地驾驶汽车在公路上丝毫不费神的行进的。

感谢上帝让我们知其所以然。在生物圈的40亿年的历程中，知其然与知其所以然相比，只占有微乎其微的一部分。而且，对于不论是在自身中繁殖，还是在其他自主主体的集体中繁殖的任何一个自主主体而言，它似乎也被赋予了知其所以然。如果在下一个10年我们能合成自主主体，而且它们能在我们的殷切期盼中共同演化为一个有着众多新奇生命形式的复杂生态系统，那么它们也知道怎样在它们共同创造的世界（外加一点我们强加给它们的边界条件）里谋求生存。

从这层意义上来说，知其所以然仅仅只是催化、功任务、感知、记录和行动等这些繁殖闭合的另一种观点，我们将其看做是自主主体内部所固有的行为。知其所以然不会超出繁殖组织的范围，知其所以然就是繁殖组织。



语义学

所有这些都不可避免地把我们引向了语义学的边缘。

从根本上来说语义学很简单。即将成为自主主体的新分子物质必须具备如下特质：(1) 食物；(2) 抑制；(3) 信号；(4) 中性；(5) 其他。

一旦有了自主主体，从它的角度来说，便有了一个语义学。新出现的分子要么是“好吃的”(yum)，要么是“难吃的”(yuck)。我认为一旦有了自主主体，就会不可避免地出现好吃或难吃。如果“好吃”，就有可能涌现出更多这种类型的主体及其后代。如果“不好吃”，就不大可能生生不息了。我想这尔文标准已经在我们的脑海中根深蒂固了。

一旦有了“好吃”和“难吃”，我们就会更容易理解皮尔斯(C. S. Pierce)富有深刻含义的符号三元论：符号(sign)，意味(signified)，意义(significans)。不论恰当与否，假设葡萄糖梯度是预报“那里有更多葡萄糖”的符号。姑且承认这是恰当的，但葡萄糖并不是一种任意的符号，不像乌云是下雨的一种任意符号。从严格意义上来说，标志往往与所意味的(signified)事物相联系。比如，单词“椅子”，椅子所意味的，以及我正坐在椅子上，这三者之间的关系就是任意的。但是从一般的化学观点来看，能够说细菌、植物和人类的化学符号是任意的吗？如果能够这么说的话，那么从皮尔斯的整个观点来看又是否可以说“纯粹的化学物质”是符号呢？

我想，从其内涵来看，自主主体中纯粹的化学性质能够包含符号和象征。首先我们还是来看一看众所周知的遗传密码。RNA分子中的核苷酸三联体最终代表了所合成蛋白质中的氨基酸。具体过程如下：tRNA具有反密码子，其一端可以与氨基酸结合；



氨酰基转移酶主要是用来携带结合在每一个 tRNA 上的氨基酸，每种 tRNA 只能结合一种特定的氨基酸；tRNA 通过其反密码子与 RNA 的密码子三联体结合；核糖体利用 tRNA 分子把相应的氨基酸加至延伸的多肽链中；在细胞质内核糖体将 mRNA “转译”成蛋白质。

新的 tRNA 的演化就是通传密码的任意性的一个例证，这种 tRNA 能将一个给定的 mRNA 密码子转译为一个不同的氨基酸。就像 30 年前莫纳德 (J. Monod) 所强调的那样，在一个略微不同的上下文中，考虑酶的变构部位上其激活作用和抑制作用，这些变构部位都远离了催化位点，那么就经历催化的化学结构而言，获得控制催化的化学结构必须是完全任意的。这也同样适用于 tRNA，反密码子必须远离氨基酸的结合位点。因此，结合到一个特定 tRNA 上的氨基酸也必须是任意的，并且可以通过起携带作用的氨酰基转移酶以及结合到 tRNA 上的氨基酸的结构来控制。不需要改变反密码子和密码子的配对关系就可以改变这两者。简而言之，化学允许存在调控关系的任意组织。

看来，把符号、意味和意义这些概念用于遗传密码是很合理的。而且，将这个概念延伸到自主主体和自主主体之间的微弱信号、化学物质以及其他方面也是合理的。植物就是一个很好的例子，被某种特殊昆虫感染的植物能分泌一种次生代谢物，这种次生代谢物能“警告”同物种的其他成员：这里正在发生昆虫侵袭事件，请分泌防御性的抗昆虫次生代谢物。

克劳德·香农 (Claude Shannon) 的信息理论经常用来计算一组象征源的统计的不确定度的减少。但是在香农有关信息的编码和传递的工作中，从来没有涉及过信息的意义或语义学。也没有人对此提出非议，相反，香农的信息理论一直被大加赞赏。不过，在香农的观点中似乎也存在着语义学，这种语义学暗藏在“解码器”里。



我不想借鉴香农的观点，除非解码器是一个自主主体。要不然的话，解码器只是将一串要被发送的信息通过通信信道转换成其他分离或连续的动力学——就像以某种特殊方式开启了碗和外部世界之间的阀门，从而使碗中的水溢了出去。当接收到从通信信道发送来的二进制信息串后，此种模式便构成了解码。

但是如果接收者是一个像细菌这样的自主主体，而接收到的分子是闲逛中的草履虫或变形虫的象征标志，而且细菌为了避免或为晚餐而快速游走，那么这一系列的事件便充满了语义学。要是细菌会这么告诉我们就好了：“你看见那个打算袭击我的草履虫了吗？我就曾经碰到过它！幸好我躲在一块石头下，它才没有发现我。从此我便以此为家。请再给我一些葡萄糖好吗，玛莎！”

下一章我会继续讨论这样的故事，因为我说过，我们不能预言生物圈的位形空间，因此我们就不能推出这个生物圈将会怎样发展。于是，我们只有通过讲故事来理解自主主体在它们的世界中有意识的行动。请不要过分地指责我太拟人化了。我也知道这样做的危险性，这样做会导致将“有意的谈话”翻译成对事件的论断性解释。但请耐心一点，我们不仅不能预言生物圈的位形空间，不能预言生物圈是怎样发展的，而且从充要条件上来说，我们也不能将合理性的谈话翻译成一般的有意谈话，更不用说将发现汉德森犯有谋杀罪的法律性言论翻译成有关可监控的声波及时空线中的物质等这一类的物理性言论。

还是让我们天真一回吧。对于一些简单的自主主体，如早期的细菌，“好吃”或“难吃”的语义学已经在某种程度上具体体现了主体在它的世界中能否获得生存的“知其所以然”。事件的语义学实际上是一组上下文相关的富有一定含义的事件或信号的子集。

记得本杰明·富兰克林（Benjamin Franklin）似乎曾经这么说过：“丢失一颗钉子，坏了一只蹄铁；坏了一只蹄铁，折了一



匹战马；折了一匹战马，伤了一位骑士。”就共同演化系统中的自主主体而言，这个钉子的语义学就是整个上下文相关的富有一定含义的事件或信号的某个子集。

从为了自身的利益而行动这一层意义上来说，你似乎很难想象石头或椅子具有目的性，但却很容易认为藻类具有目的性。当然，还有另一层意思就是我对自主主体的语义学解释纯粹是同义语的反复。毕竟我一开始就说，在葡萄糖梯度中向上游动的细菌是为了自身的利益才在环境中行动，并将自主主体定义为能为了自身利益而行动的物质系统，然后又问物质系统要怎样才能为了自身的利益而行动。现在已经是第五章了，我似乎还没有独立地推导出自主主体是物质和能量的组织，就这种组织能为了自身的利益而行动来说，我们可以将目的归因于这种组织。我的定义实质上是一个定义循环。

另一方面，虽然这个定义是循环的，就像 $F=MA$ 以及达尔文的“自然选择”和“适应度”一样，但这并不意味着我对自主主体的定义——能够完成一个功循环的自我复制系统，这组共同定义的概念就不能触及真实的世界。按照我的定义，石头和椅子不是自主主体，所有的活细胞是自主主体。而且这样一个事实就摆在我们面前：自主主体的确为了自身的利益每天都在操纵着这个世界。看看那一对筑巢的鸟儿便知道了。

简而言之，一旦有了自主主体以及“好吃”和“难吃”，那么当自主主体在这个发展的生物圈中共同演化并为了自身的利益而行动时，语义学也随之进入了这个世界。

知

什么是“知”？

丹尼特（Daniel Dennett）在他的《达尔文的危险思想》



(*Darwin's Dangerous Idea*) 一书中提出了“知”的一种阶段形式，我仍打算沿用“知”这个词，它在达尔文的演化研究中其实早已出现了。我发现这种阶段形式很合理，而且也很有信息量。丹尼特将演化看做是一系列建筑上的升降机，这种升降机通过变异和自然选择一点一点地构建了更高级的实体。

我并不反对这个观点，尽管我更看重的是演化中自组织的作用。我将指出宇宙中不断增加的对称性破缺将会创造更多样化的结构和过程，这种结构和过程能够形成并识别已经分支了或者正在分支的能量，然后探测这些能量，并创造耦合这些能量的设备和过程，从而更进一步地产生各种各样的宏观秩序。这些一点都不神秘而且非常自然。简而言之，从自然性和自生成性上来考虑丹尼特的升降机，我怀疑这种升降机是否能产生生物圈、行星系甚至更为高级的实体。

言归正传。丹尼特区分了四种生物，即“达尔文生物”(Darwinian creature)、“巴甫洛夫^①生物”(Pavlovian creature)、“波普尔^②生物”(Popperian creature)以及“格里戈^③生物”(Gregorian creature)。比如，像细菌这种简单的自主主体就是达尔文生物。在这种最简单的例子中，生物通过突变演化，当然，也可以通过重组和自然选择演化。在这种情况下，不考虑任何行为上的学习。因此，达尔文生物中的一种生物，或一个菌落，或一个生态系统，或多或少有点按达尔文所说的那样在适应。

下一级便是像雨虎属(*aplysia*)这种拥有神经系统的生物，

① 巴甫洛夫：前苏联生理学家，提出了条件反射的概念，并以此著名，因对消化生理的研究而获1901年诺贝尔生理学医学奖金。——译者注

② 波普尔：主张知识进化论。他认为生物的进化和知识的进化原则上都是从应付问题开始，经过解决问题的过程，再面对新的问题，而提出新的解答。——译者注

③ 格里戈·孟德尔(Gregor Mendel)：通过研究豌豆的遗传特征，总结出了至今仍适用于所有生物体的遗传规律。——译者注



这种生物具有刺激习得的能力，属于巴甫洛夫生物。雨虎属能够学习非常简单的有条件刺激——就像狗在“期待”食物的过程中，铃铛可以使狗大量分泌唾液一样。

再下一级便是脊椎动物，即波普尔生物。也许丹尼特将我们人类归于这一类是有他的道理的。按照丹尼特的说法，波普尔生物有着它们世界的“内部模型”，并以游离的方式“运转着内部模型”，而不是在真实的世界里真正地运转着模型。这使得幸运的波普尔生物可以有“代替我们死亡”的假说。我喜欢这种说法。

再下一级便是格里戈生物了，它至少应该是人类。丹尼特得出了一个非常有意思的结论，我们可以利用我们手中的工具，如石刃、弓箭、掘杆、机器等，扩大我们所共享的事实空间和过程空间。这个扩大了的世界给了我们更多的知其所以然和知其然。在某种意义上，文化的演化开始变得没有界限。谁知道将会涌现出怎样的新的文化形式？强烈的摇滚乐也开始为伊朗人所喜闻乐好；中国的厨艺流传到古巴后，于是古巴-中国式的烹饪技术便出现了。太阳的后而是什？谁能说得清？

我非常喜欢丹尼特的知其所以然以至知其然的阶层式结构。毫不费神的，倒不是不值得费神，而是因为很少有人会想到这个问题：通过简单的分子系统，甚至在没有引进神经细胞的情况下，这种阶层结构能实现多少。

我认为有许多这种阶层结构能找到分子实现。举个例子，细菌和变形虫就具备巴甫洛夫习得能力，因为它们有受体，这种受体能适应某种恒定的信号配体和感觉，而不仅仅只是从当前层次发生了改变。这并不只是将任意的条件刺激与非条件刺激联系起来，而且我甚至可以想象用化学去实现非条件刺激。既然可以认为神经元能够繁殖并形成新的突触，这种突触如果被用到了的话，就可以存活下来，而且还可以认为神经元能传递条件刺激与



非条件刺激之间的联系，那为什么不可以想象非常复杂的化学呢？比如非常复杂的糖类合成，这种糖类合成可以通过活性由不同糖类自身调节的一组复杂的酶实现，这也同样适用于糖类代谢。这样的系统可能一开始会盲目地试验各种合成模式，直至它最终形成了一个自我维持的网，这种网可以将糖类、酶以及传递着非条件刺激与条件刺激之间的联系的某种蛋白质受体连接起来，然后通过正反馈循环维持这种连接。此观念与以下这组观念比较贴近，即“独特型”和“抗独特型”免疫网可以用来维持一组所需抗体的合成，以防止病原体的侵袭。在这个网络中，有相当证据表明，一种抗体可以作为刺激身体并产生另一种抗体的抗原，而这一种抗体可以结合某个特定的氨基酸序列，我们称之为第一个抗体的“独特型”。同样，第二个“抗独特型”抗体可以刺激第三个，第三个又可以刺激第四个。而且这个序列很可能形成反馈回路，因为第一个抗体和第三个抗体经常可以结合到第二个抗体的相同位点上，因此，第一、第三抗体有着形状空间一样的相似形状。于是也就自然而然地将免疫系统推广为条件刺激效应系统。

波普尔生物是否属这个系统？不妨假设一个细菌遇到了一只草履虫，让我们将分子感应与我们的想象充分结合起来，来看看细菌会怎么做。可怜的细菌要么飞快地转动它的马达逃走，要么躲在如巨石般的沙粒后面，静待草履虫这头猛兽消失。必须要有神经吗？如前所述，植物可以用次生代谢物作为信号来表明遭到某类特殊昆虫的侵袭。在代谢与昆虫之间也许存在着任意的结构关系，就像相对于意味（signified）而言，人类语言中的象征也经常是任意的。对于没有神经的无脊椎动物来说，这并不坏。

我非常惊叹于格里戈生物。在一门语言中，无论新的语句在何处被创造，新的符号串的自由与开放性的创造从根本意义上来说，与整个生物圈的新分子的持续开放性创造并不是不同。如果



说因为我们发明了掘杆和原子弹，所以我们这有着两条腿的人类之间的交谈是令人佩服的，那么我们也可以说，在任何一个发展成熟的生态系统中，它们的化学交谈同样也是令人佩服的，因为在这个生态系统中，我们都是彼此生存的工具。

我真的天真地认为生物圈在很早以前就包含了丹尼特所说的各个层次的生物，而且这个生物圈在不断地多样化，在这个多样化的世界里，我们通过我们的知其所以然的特有的语言在交流着、发展着。我想，有了有声电缆和 e-mail 之后，我们人类将会变得更加热爱社交。生物圈是一片神奇的土地，有太多的东西值得谈论。40 亿年的源远流长，也许滑稽喜剧^① (slapstick comedy) 很早以前就上演了。

伦理

怎样看待伦理？伦理是随着自主主体一起出现的吗？就我看来，如果我是一个自主主体，那么我要么就“好吃”，要么就“难吃”。在此敬请各位注意，休谟 (Hume) 很早以前就谈到了“自然主义谬误” (naturalistic fallacy)，我们不能从“实然” (is) 推出“应然” (ought)。休谟认为，母亲哺育子女是事实，但不能推出她们是应该的，希特勒试图征服欧洲甚至世界，并杀害了不少犹太人，这是事实，但我们不能推出他本应该这么做。

事实上，休谟的论断为科学家们做伦理陈述打下了基础。我们科学家找到了事实，而你们其他一些人则来论证伦理。但是当休谟警告了我们不要从“实然”推导“应然”之后，价值又从何而来？休谟让我们不要从“实然”推导“应然”，前提是我们得

^① 滑稽喜剧 (slapstick comedy)：笑闹粗鲁、带攻击性动作的喜剧，以不造成伤害的暴力行为为其特色。——译者注



先认识“应然”的合理性。

在遵循休谟的思想来理解伦理问题的意义上，我们所需要付出的努力是漫长的、烦琐的，而且是艰巨的。在维也纳学派（Vienna Circle）所倡导的逻辑实证主义的支配下（这种实证主义认为只有能被证实的陈述才是有意义的），著名的哲学家摩尔（G. E. Moore）开始怀疑是否伦理问题仅仅只是诉诸情感的言辞。于是“杀人是错误的”就变成了“啊哈”。实证主义的论证是有说服力的吗？我感到可笑的是，逻辑实证主义的核心论断“只有那些在经验上可被证实的陈述才是有意义的”，这句话本身在经验上就不可被证实。这不禁使我想起了害人反害己。

哈佛的约翰·罗尔斯（John Rawls）曾经有力地论证过，我们人类对公平的概念衍生于我们都达成了“共识”，在我们出生之前，我们就知道我们生来就具有不同的天赋和才能。于是“法律面前人人平等”只是罗尔斯所说的一种契约而已。“法律面前人人平等”远比细菌的“好吃”或“难吃”精练。在这个星球上，在生命的演化中，伦理的突现实在是一个有意思的问题。

下面我来谈一谈我的疑惑：首先物质世界中的“价值”和“意图”的基础从何而来，它们是怎样将社会契约置之脑后。在这个事实世界中价值的位置又在哪里？

还是自问自答吧。事实是知其然的陈述，但知其所以然在先。在全面理解了休谟的论断之后，我想，从自主主体的角度来看，“好吃”或“难吃”才是最基本的，是不可避免的，并且对自主主体具有重要作用。如果太“难吃”了，它们以及它们的后代都将不会再在生物圈中出现。我们又一次运用了达尔文的标准。也许在不远的将来我们可以轻而易举地创造大肠杆菌或自主主体，我不禁感到，一旦自主主体出现了，价值的基础也就出现了。

那我们是不是可以不假思索地说，一旦自主主体出现了，于



是意图的基础也就出现了？如果是这样，我们便有了另一个伦理行为的基石。伦理行为首先要求一个人所负责的行为具有逻辑可能性。你不能对超出你控制范围之外的行为和结果负责。为了处事符合伦理，你首先就得能够处事。

然而什么是“行为”呢？丹尼尔·亚密斯（Daniel Yarnis）是一个颇有才学的年轻数学家。他现在正在哈佛大学，在他学会开车之前，他同我在圣菲研究所共同度过了一个暑假。在此之前的一个夏天，他一直呆在哈佛的杰克·佐思塔克（Jack Szostak）实验室，在那个地方，当他还只有14岁的时候，他便学会了将RNA分子演变为能结合任意的配体。在那个夏天，我和丹尼尔苦心奋战，试图区分自主主体的“行为”（doing）以及自主主体内部和自主主体周围的发生（happening）。我们说，大肠杆菌在葡萄糖梯度中向上游动是为了获得晚餐。但是各种各样的分子振动、转动和平动模式都发生了。什么是行动（actions），什么又是发生（happenings）？

我认为我们并没有成功地用简练的数学形式来严格区分行为和发生。但是我预感到了行为和发生（丹尼尔喜欢这么说）之间的区别，这种区别与大肠杆菌、老虎、人、树，更确切地说，与整个自主主体都是相关的。在下一章我们也会遇到类似的问题，那是当我们试图区分部分有机体的功能与这部分有机体的因果关系时出现的。

所有这些问题似乎都是伴随着自主主体而产生的，你不觉得这很奇怪，也很有趣吗？姑且承认我们正面临着以前所谈到过的语言游戏循环问题，然而我始终认为语义学、意图、价值、伦理，这些问题都是伴随着自主主体而产生的。我认为这些问题还不足以跨越体谟的自然主义谬误。在任何具体的内容中，我们不能从“实然”推出“应然”，但我认为，一旦有了自主主体，物质世界中便有了“实然”和“应然”。



第六章

**突现和故事——超越牛
顿、爱因斯坦和玻尔**

“超越牛顿、爱因斯坦和玻尔”，多么大言不惭。然而我们发现，在由自主主体共同构建的繁殖组织面前，在贯穿于整个生物圈的非平衡系统面前，牛顿、爱因斯坦和玻尔的科学竟显得那么无力。既然生物圈是宇宙的一部分，那么，适用于宇宙的任何普适定律也必定适用于生物圈。而且如果确有广义生物学存在，那么我们的眼睛所扫视过的每一个角落也必然存在其踪迹。

“突现和故事”？这样联系起来不是很可笑吗？故事？故事绝不是科学。我却不敢如此苟同。故事是我们自主主体在谈论我们的生活进展时的一种自然方式。如果故事不是科学，而只是我们描述怎样适应这个不断改变的世界，那么科学，既然不是故事，就一定会随着时代的发展而前进。我们为了生计而不得不适应这不断改变的世界，这也是物质世界发展壮大的一部分原因。

你是希望成为爱因斯坦还是莎士比亚？我不知道谁的天赋更令人敬畏，但我觉得我们既需要科学，也需要故事来认知宇宙。我们这些自主主体是宇宙的一部分，我们希望将其探个究竟，我



们正昂首阔步地迈向一个新台阶。我们还会为了别的什么吗？几乎不会。我们在建设这个生物圈的未来时，有成功的喜悦，也有失败的挫折。美国人攻克了人造卫星技术，将人和物质送上了月球，并将其留在月球上，由此改变了太阳系、银河系等的运动轨道。如果你具有跟牛顿一样的天赋，你可以计算这种改变，不过你计算时的初始条件和边界条件是什么呢？

到目前为止，我们还没有一个关于共同构建的繁殖组织的理论，所谓的繁殖组织，实际上就是由自主主体和它们的一些鬼把戏所构成的生物圈。

哎，真是匪夷所思啊。然而，也许其中的某些困惑对我们是有帮助的，因为在此之前，我们从未想过我们的理论需要把所有的这些都囊括进来。

自主主体的阶层系统

从一开始，就存在着相当可观的自主主体的阶层系统，至少我们的生物圈是如此。对于单细胞有机体，它既包括细胞中没有细胞核的原核生物，如大肠中的大肠杆菌（大肠杆菌是我们经常提到的一种典型的自主主体），也包括真核生物，如大肠中的酵母菌（酵母菌也是一种自主主体）。在从原核细胞到真核细胞的过渡中，似乎各种自主主体都在一起共同存在着。真核生物含有线粒体，植物细胞含有带有叶绿素的质体。以上两种细胞内的细胞器都携带着它们自己的DNA。就线粒体而言，它们只是在遗传基因上稍有不同。这些事实使得林恩·马古利斯（Lynn Margulis）提出了如今已为人们所接受的假设^①——真核生物细胞是

^① 马古利斯认为，220万年前出现的“新型细胞”不是基因突变而是共生的结果，它们成为如今存在于一切多细胞植物、多细胞动物的细胞的基础。它不是因适者生存而残酷竞争的结果，而是合作的产物。 译者注



两个或两个以上早期的自主主体的共生体，这些自主主体使真核生物的线粒体、质体甚至核结构变成了一个新的复制实体，即真核细胞。

于是，真核细胞成了共生的自主主体的一个“性能良好”的群集。它是一种高级的自主主体，由低级的自主主体生成。

但是，生命的发展远不止是单细胞生物结构。海洋中充满着林林总总的真核菌落，它们是多细胞的，既能有性生殖，也能通过细胞的芽孢无性生殖，然后重新形成各种器官，如食管、嘴、刺细胞、肌肉系统、神经系统，等等。感谢上帝赋予了它们这么多繁殖生命的方式。

16 亿年前，或者更精确地说，从 6 亿年前的震旦纪时代，甚至更为精确地说，从 5.4 亿年前的寒武纪起，多细胞的有性生殖就开始占统治地位了。

霸王龙可算得上是一位自主主体的王者，蓝鲸也非等闲之辈。也许研究所后山上矗立的白杨树，和美国其他某个地方的白杨树，都是从某棵树的不同根须生长出来的。“我所知道的最大的分子是 7 号伊利诺斯 (Illinois) 煤，它长宽各几里，深足千尺。”这是斯克利普研究所 (Scripps Institute) 的一位化学家——朱利叶斯·雷贝克 (Julius Rebek) 常挂在嘴边的一句话。也许“7 号伊利诺斯煤”就是从单个的无性系的白杨树的表亲演变而来的。

因此，自主主体的阶层系统现在就摆在我们面前。如果在自主主体的定义中一定要包括“是能够复制的‘个体’”这一条的话，那么在现代生物圈中一定存在着与蓝鲸一样大小的自主主体。按照第三章我对自主主体的描述，由一个微小的自主主体演变成像鲸这样一个庞然大物是需要一段漫长过程的。

阶层系统可以发展到什么程度，谁知道呢。也许位于阶层系统最底层的就是我们所假定的，而且现在几乎被实验证实了的



“超循环”^①。这个概念是由曼弗雷德·艾根（Manfred Eigen）和彼得·舒斯特（Peter Schuster）引入的。这个假定的超循环由一组复制的 RNA 序列 A、B、C、D 组成，每个序列都是模板互补的正负链。除了 A、B、C、D 能各自单独复制外，A 还能帮 B 复制，B 能帮 C 复制，C 能帮 D 复制，D 能帮 A 复制。若将每一个正负链对看做是两个模板链的复制循环，那么这些复制循环都在 ABCD 的超循环中得到了链接。

事实上，超循环就是一个帮助彼此复制的小的分子复制因子群。它是一个高级的分子复制系统。雷泽·葛哈德瑞（Reza Ghadiri）创建了肽的超循环理论，而且也许很快就会在实验上得到实现。虽然艾根和舒斯特的超循环并不满足我对自主主体的定义，因为它不含有功循环。不过，我们并不难想象自主主体的超循环，也许真核细胞就是一个超循环。

我们已着手用数学模型来阐明这种阶层组织。目前，有些模型已经做得非常成功，但仍有所局限。

沃尔特·方塔纳（Walter Fontana）是一位理论化学家，从师于维也纳的彼得·舒斯特。沃尔特到过圣菲研究所，他提出了“炼金术”，并由此而迈出了关键性的一步。在第二章我描述过化学反应图中分子自动催化组的突现。物理学家约翰·麦卡斯吉（John McCaskill）创造了彼此互相“操作”的图灵计算机，而沃尔特则发明了“算法化学”。毫不掩饰地说，他们思路虽不同，但却殊途同归。只有在圣菲，个人才可以产生在宇宙中其他地方都无法产生的灵感。沃尔特戏称他的算法化学为“炼金术”。不

① 艾根（M. Eigen）和舒斯特（P. Schuster）的“超循环”理论，是直接建立生命现象的数学模型。他们观察到生命现象都包含许多由酶的催化作用所推动的各种循环，而基层的循环又可组成更高一层次的环，即“超循环”，也可以出现更高层次的超循环。超循环中可以出现生命现象所特有的新陈代谢、繁殖和遗传变异。——译者注



像牛顿时代的炼金术，沃尔特的炼金术是完全奏效的。

以下就是炼金术的内容：沃尔特借用了计算机语言 `lisp`。`lisp` 表达能够彼此作用。如果表达 1 与表达 2 相遇，那么不论是表达 1 作用于表达 2，还是表达 2 作用于表达 1 都是随机决定的。也就是说无论采用哪一种作用方式，经过相互作用之后，被作用的 `lisp` 表达都将会变成一种新的 `lisp` 表达。

与化学反应类似，从一种 `lisp` 表达变换为另一种新的 `lisp` 表达就好像发生了化学反应一样，而起变换作用的 `lisp` 表达就是“反应”的催化剂。

于是，沃尔特从计算机里选出 1 万个 `lisp` 表达，这些 `lisp` 表达欢快地相互作用，产生出新的 `lisp` 表达。沃尔特不愧是沿袭了艾根-舒斯特思想的优秀理论化学家。他假想他的算法化学位于一个“恒化器”中，恒化器可以使得 `lisp` 表达总数恒为 1 万个，因此，如果有过量的 `lisp` 表达使得其总数超过了 1 万个，那么沃尔特就会随机除去一些 `lisp` 表达，以使其总数保持不变。由于常常会出现超过 1 万个 `lisp` 表达的情况，这种删除便提供了一种选择压力。

沃尔特开启了炼金术之门，新的 `lisp` 表达就像山洪暴发一样，汹涌而至。你会不时地看到新的一组由原先的 `lisp` 表达扩大的子集。

沃尔特发现了什么呢？他所发现的第一件事便是“复制因子”，即 `lisp` 表达能复制任意的 `lisp` 表达，包括它们自身。一旦这样的复制因子出现了，它们就像进入了沃尔特的 `lisp` 表达的蒸锅一样。事实上，这种 `lisp` 表达就像杰克·佐斯塔克（Jack Szostak）所希望的 RNA 聚合酶一样，它能够复制任意的 RNA 序列，包括自身。沃尔特把这样的复制因子称为“1 号”组织。

还会突现其他的自我复制组织吗？沃尔特耍了一点小小的手段，制止了复制因子的出现。没有了复制因子，沃尔特的汤也就



七零八散。然而新的 lisp 表达又开始层出不穷。

沃尔特又发现了什么？他发现 lisp 表达的集体自动催化组在本质上与我的聚合物的集体自动催化组一致。沃尔特把这一种 lisp 表达叫做“2 号”组织。在每个 lisp 的集体自动催化组里，每个表达都是通过组中的某些表达作用于另外一些表达而形成的。整个组就是集体复制的。

是否还有胜于“2 号”组织的阶层系统呢？经进一步研究发现，还有一种“3 号”组织，它由两个或两个以上的“2 号”组织共同组成，是 lisp 表达的相互胶合。这种胶合不能由单个的“2 号”组织形成，必须由多个“2 号”组织共同构建。

因此，我们可以找到一个适合于算法化学的阶层系统。“3 号”组织似乎与真核细胞类似，因为真核细胞包含着各种不同的复制因子，如线粒体、质体和细胞核等，它们在细胞质中相互胶合，共同存在。

令人百思不得其解的是再没有发现更为高级的组织了，也没有谁知道为什么。是什么限制了新的复制算法系统的持续突现呢？

其实，现在也有不少的算法模型，如汤姆·雷（Tom Ray）的 Tierra^①。在 Tierra 中，计算机代码位于存储器核心中，它能够复制，并在存储器中相互竞争空间。“收割机”会除去随机的生灵，于是就会发生向各种寄生物的演化，甚至包括向更为高级的主体的演化。有趣的是，我们发现生灵的类型总数也是有限的。

约翰·麦卡斯吉是承袭艾根-舒斯特观点的另一位理论物理化学家。他指出，到目前为止还没有谁成功地创造了能复制实体的

① Tierra：数字生命。数字生命专指那些以电脑为工具和媒体，以电脑程序为生命个体的人工生命的研究。这方面以汤姆·雷（Tom Ray）的数字生命世界 Tierra 为代表。——译者注



算法系统，这个系统要么能产生递阶的主体，要么能产生持续增加的复杂组织。为什么会是这样，没有谁知道。

也许问题就在于我们想要限制这些算法意义的生灵。我认为生物圈要比一般意义上的算法丰富得多。到底哪一种算法是可以通过正规程序有效构建的呢？而且这个程序必须以确定的输入“数据”开头，并可以通过图灵机或冯·诺依曼（von Neumann）机上的某一个“方案”操作。但我始终认为我们既不能预言输入的数据，也不能预言类似于生物学上支配生物圈发展的方案。我认为我们不能有限地预言生物圈的位形空间，而且我还认为，生物圈和宇宙中会时有新奇事物产生。如果真是如此，那么我们被教来做科学的方式就有所偏颇了。因为不论在牛顿、爱因斯坦还是玻尔的物理学里，我们都是能有限预言位形空间的。通过与一些从事量子引力工作的同仁们共事后，如李·斯莫林（Lee Smolin），我觉得即使我们不能预言宇宙的位形空间，“时间”仍然是实实在在存在的而且是必要的。而且我还觉得宇宙构建自身的方式与生物圈构建自身的方式类似，在第十章我还会具体谈到这些。

不要忘了，构建了自身并在非平衡系统中持续分支扩展的繁殖组织与我们所理解的组织的概念并不一样。我们已经知道物质、能量和熵的概念，但对繁殖组织的概念却一无所知。因为生物圈构建自身的方式并不是算法，它是个故事，是我们弄懂生物圈中新奇事物持续突现的一部分。

这些话都很中肯。下面我们就来看一看这些话是否是正确的。

我们继续回到沃尔特·方塔纳的算法化学，在这个算法化学中有一个很有趣的特征。还是让我们先来定义沃尔特化学中的高级机器。我们可能会立即联想到 lisp 表达的“包”：lisp 表达的“输入包”被送到 lisp 表达的“组装线”上，用以产生“输出



包”。我们可以轻而易举地研究这种包。给定一组可能的初始 lisp 表达，如 N 个不同的表达，或 N 个不同的子集，或包，其可能性是 2^N ，我们称 2^N 为 N 个符号串的“幂集”。一个包作用在另一个包上就可以产生一个新的包。总而言之，这是幂集上的一个图，在这个图中，“机器包”作用在输入包上可以产生输出包，也就是说，这组可能的输入包、机器和输出包构成了这样一个可能的幂集图。

很显然我们可以得到 lisp 表达的包——复杂的 lisp 表达的组装线就像机器一样，它作用在复杂有序的 lisp 表达的输入包上，可以产生一组有序的 lisp 表达的输出包。此处“有序”的 lisp 表达指的是机器 lisp 操作时的组装线顺序，而输入包中 lisp 表达的“有序”则指的是机器 lisp 作用在 lisp 表达的输入包上的顺序。显然，假使沃尔特得到了简单 lisp 表达的 1 号和 2 号自动催化组，那么我们就能基于此而得到作用在它们上而的机器 lisp 表达的 1 号和 2 号自动催化组。如果能将不同的机器组划定为不同的“单元”，并使其作用在输入包上，以产生输出包，那么高一级的 1 号和 2 号自动催化组就会突现。

为什么沃尔特并没有发现这些高一级的实体呢？我想部分原因在于在他的算法化学中没有什么可以重排 lisp 表达的次序，使其变成一个个有序的单元或机器。至少到目前为止，我们还没有发现 lisp 表达这种有序的集体属性，而且这种集体属性也不能看做是沃尔特的 lisp 表达的集体性质。

不过这样的限制似乎并没有阻碍生物圈的发展。我们已经目睹了分子组装线以及分子集合的突现，它们的集体性质都可识别，并受到自然选择的制约。从 DNA 到信使 RNA 到蛋白质的转录和转译就是一个例子。当然也不乏其他的例子。许多酶形成了多分子络合物的有序阵列，其中底物就像沿着组装线一样渐渐地从一个活性部位到达另一个活性部位。这些高级的分子络合物的



出现是因为当这些分子复合体的集体性质增大了适应性时，自然选择能作用在这些集体性质上。事实上，这些高级分子结构的集体行为对生命存在是有利的，而且自然选择也能识别这种生存优势。

与沃尔特·汤姆·雷以及其他一些人的算法计算系统相比，在此有必要强调生物圈的另一个重要特征。算法系统是按照离散的、明确定义的变换规则操纵着符号，即将一种代数图符号或符号串变换为另一种符号串。

与之相反，生物圈是由自主主体的行为、“知其所以然”以及自主主体的发展构建而成的。自主主体是真实的物质分子系统，它将物质和能量的流动、限制的构建以及组织“嫁接”到了它们持续的共同演化中去。下面我们将会看到，我有充分的理由认为我们不能预言生物圈的位形空间，由此而不能预言在演化的生物圈中得以存在的适应性——自主主体是真实的宏观物质系统，就像一般的代数符号系统一样，在其产生中可能不会受到限制。如果是这样，那么生物圈的“算法自由度”就至关重要，因为牛顿、爱因斯坦和玻尔科学都是通过算法计算来进行推测的。

我认为生物圈的持续更新源于我们根本无法预言生物圈的位形空间。但这种无奈并不会阻碍生物圈的发展或者影响其与新功能相关的问题，因为不像在代数或计算过程中，其变换规则是已经明确定义的（如 lisp），生物圈的变换规则形式具有不可预言性。以遗传密码的演化和真核染色体的结构为例，它们复杂而协调的行为构成了有丝分裂的减数分裂的基础。在有丝分裂和减数分裂中，父本和母本同源染色体突触经历重组和分离后使得精子或卵子随机地获得每一个亲本染色体中的一个，这些复杂的宏观分子系统的突现改变了演化自身发展的方式。

理查德·帕尔莫（Richard Palmer）是杜克大学（Duke University）也是圣菲研究所的一位物理学家。他曾对我说道，物理



学已经习惯了从“规律”来区别初始条件和边界条件。但是在生物圈的演化中，诸如遗传密码和减数分裂这一类体系的突现更像是新规律的突现。这倒使得帕尔莫陷入了困惑，是否初始条件和边界条件与规律的差别在牛顿物理中已表达得淋漓尽致了呢？

宇宙的套件

在某种程度上，所有这些都与“宇宙的套件”、“突现”和“还原论”有关。而这都是一些有争议的问题。数年来有许多哲学家以及从事其他工作的人一直致力于此项工作，下面我将摘取其梗概而谈之。常见的一种还原论形式是“ x 只能为 y ”。其实我们在前面提到过这类还原论的例子，比如我们试图处理好感知数据和逻辑原子论就是一例，我们希望在最少有争议的前提下，也就是对感知数据的报道最贴近真实情况的前提下，构建一种认识论，如“我似乎听到了中 C 调”，“这感觉像是结实的平滑面”。而对于像“一把温莎摇椅（Windsor rocker）放在卧室中”这样的陈述，它仅是陈述感知数据时的一种有限的预先指定。

按照还原论的定义，如果一组确定的低级语言的陈述的真实性对于陈述高级语言的真实性来说是充要条件，那么就可将高级语言还原为低级语言。如果真可做到如此，那么高层次的陈述将是这一组充要的低层次陈述的速记。判断一个陈述的真实性，如“我的办公室里有--把温莎摇椅”，就可还原为判断感知数据的某组指定陈述的真实性。然而我们发现，这对于某些客观物体和感知数据的陈述却并不成立。虽然找到充分的感知数据的陈述比较容易，但不可能有限地指定一组充要的感知数据的陈述，其真实性可以与“我的办公室中的温莎摇椅”的陈述的真实性互换。

维特根斯坦很有说服力地写道，在试图将一种语言游戏还原为另一种语言游戏时，也会出现同样的系统化难题，比如从对法



律事件的描述再到对人类行为的描述到对物质事件的描述就是这样。我们以前提到过，描述法律得包含这样一组概念：有罪、无罪、责任、证据、接收手续等，而对于描述处在法律框架之外的人类行为就无须这些概念。对人类行为的描述比对物质事件的描述蕴含着更加丰富的语言游戏——更不必说对自主主体的描述，或者是对一个为了获得晚餐而采取行动的细菌的描述。

与假定的“完全”的物质性描述相比，“行与为”（action-and-doing）的语言游戏的一个重要特征就是，“行与为”的描述选出了与自主主体的目标相关的特征。有趣的是，一旦我们处在波普尔生物的丹尼特水平上（这种生物具有未来的某种内部模型和设计，而且如果它们被替代的话，它们就会让模型死掉），那么我们似乎达到了这样一种组织水平，即行为-目标（action-and-goal）之说变得尤为重要。在物质事件中是否存在一组可有限预言的陈述，它可使得陈述“猎豹正在捕捉瞪羚”的真实性是充要的？跟上面一样，我们可以轻而易举地找到充分条件，却很难同时找到充分条件和必要条件。

在词典中还原论的思想是不适用的：词典中的每个单词都是通过其他单词定义的，而除此之外又别无他法。概念的给出多种多样，有时一些用实物表示的定义，如举例定义法，也可反映真实的世界。我们以各种方式划分着世界，从充要条件的严格意义上来说，维特根斯坦的语言游戏彼此并不可还原。这倒引发了下面的问题：法律系统和人类行为是否是宇宙套件的一部分，而且在某种程度上它是否会超出原子和场的位置与运动之说。

在基础物理理论的层次上也会出现同样的问题。比如说，经典热力学在其自身范围内是一门比较完善的科学。路德维希·玻尔兹曼（Ludwig Boltzmann）、威拉德·吉布斯（Willard Gibbs）以及其他一些科学工作者以作用在 $6N$ 维相空间中的理想粒子的牛顿定理为基础，通过艰苦卓绝的努力创建了统计力学。更令我



们引以为豪的是温度、压强和熵这类经典热力学概念能被还原为理想气体粒子的统计特征：温度可表达为粒子的平均动能，压强表示为传递给容器壁的动量，而熵则是每个宏观态中所包含的微观态数的量度。

不过，在宣告全面胜利之前，我们想问一个问题，就经典热力学而言，是否统计力学构成了一组充要陈述。答案无疑是“否”。虽然以牛顿力学为基础的统计力学产生了一组充分条件，但它却不是充分和必要的。大卫·格罗斯（David Gross）和其他物理学同仁们已经向我证实道，对于遵循非牛顿定律的粒子也可以构建出另一种不同的统计力学。所有这些都可解释为经典热力学的还原。因此，就算还原能够发生，我们也不可能在一组低层次的可能的统计力学上找到某组有限预言的充分必要条件，使它对子经典力学的还原是充分的。

达尔文的理论中也遇到了同样的问题。达尔文告诉我们，演化是递过遗传变异和自然选择的复制发生的。以DNA、RNA和蛋白质为基础的生物学就是一个例子，它对于达尔文的进化论来说是充分的。我们是否可以“穷尽”所有可能的具有复制、遗传变异和自然选择的物质系统？我想是不能的。

当然，也有一种不完全的还原论，即针对低层次上的充分但不充要条件而言，我们仅关注高层次上的物体、概念或现象的解释。在这个意义上，统计力学确实“解释”了经典力学。许多人认为这种不完全的还原论已经足够了。然而它对什么是足够的呢？要想三言两语将其解释清楚并不是那么容易。如果我们说，“温度仅仅只是系统中原子的平均动能”，这将表明我们想还原宇宙的本体论。

不过我想这种常见的本体论做法并不总是有充分理由的。就拿菲尔·安德森（Phil Anderson）所常列举的“突现”来说，金是我们常见的一种黄色的有延展性的金属，然而在金原子的量子



力学描述中却无法找到这些宏观性质，而且也无法从构成金原子的量子力学基础中推导出这些宏观共有性质。然而我们确实观察到了这些宏观性质，也找到了这些性质的规律特征，并试图将它们与描述物质的量子力学的充分条件结合起来。

安德森提到的另一类例子是对称性破缺。有一根杆垂直立于地球表面的一块平板上，这根竖直的杆在重力的作用下不稳定，随时都会倒下，而且它倒下的方向是随机的。因此，在杆倒下来之前，系统具有平面对称性。然而一旦在某一时刻杆倒下来了，而且指向了一个特定的方向，那么在杆未倒之前的对称性系统就不复存在了。我们不可能从初始状态的对称性推演出对称性是怎样破缺的。

菲尔将他的一篇与此突现问题相关的文章命名为《多则不同》(More is Different)。

还是来看一看我对自主主体的定义吧。我曾提及过，能进行自我复制并完成热力学功循环的系统并不需要仅局限于以 DNA、RNA 和蛋白质为基础的细胞。毫无疑问，纯 RNA 和小分子系统一定是自主主体。也许自我引力系统、辐射系统和其他物质系统都能成为自主主体。

再说一遍，我们能给出某些充分条件，但我们却不能有限地预先指定一组充要条件，使我们能预先指定构成一个自主主体的所有可能的模式，如构建、限制以及物理过程和物质流动的组织等。

另一方面，我的定义似乎提供了一种“后构建”的方式。给定一个候选的自主主体，然后我们问它：“你是否复制自身并至少完成了一个热力学功循环？”答案要么为“是”，要么为“否”，但这都是对所讨论实体的客观回答。于是你可在看到这样一个模式，我们可能无法有限地预先指定构成一个自主主体的所有可能的系统，但当我们真正看到了它时，我们能识别它。我们能



给出一个自主主体的所有物理实现的充分条件，但却不是充要条件，而且我们能检验任意指定的候选事例，因为任意指定的候选事例，它要么是自主主体，要么不是自主主体。“细菌是一种自主主体”，这句话要么正确，要么错误。

从这点出发，我想说自主主体就是宇宙套件这种本体论的一部分。我也想说，突现是真实的，一点也不神秘（菲尔·安德森也同意此观点）。

按照突现的观点，自主主体的整体内涵大于其部分之和，但这并不意味着环境中的自主主体的行为不可以通过由各部分组织所组成整体来详细分析。自主主体的整体内涵大于其部分之和是说具有广泛多样性或不确定多样性的物理系统也能成为复制自身并完成至少一个功循环的自主主体。

现在我们来看一看其因果关系，“自主主体只能为……”这种“只能为”的还原论从历史发展的角度上来说，倾向于将因果关系看做是从原子的行为到由原子所组成的更大实体（如老虎）的行为的一种向前发展。

我已经被这些问题弄得晕头转向了。我还是打算举一个例子说明问题。几百万年前，最后一只雌性三叶虫托玛丝娜（Tommasina），正在急匆匆地寻找一个理想的地方产卵，突然，托玛丝娜看到了一只可怕的海星达斯韦德（Darthvader）在她的正前方。“我该怎么办？是往左逃跑还是往右逃跑呢？”她不知所措。最后托玛丝娜还是决定跳向左边，谁知此时这斯韦德也跟着跳向了她的左边，于是达斯韦德轻而易举地逮住了她并杀了她，然后吞食了她和她的卵。

从此地球上再也没有三叶虫了。托玛丝娜的死使得专属于三叶虫的蛋白质和小分子也从此在生物圈里销声匿迹了，而且托玛丝娜还可能会形成更进一步的变异物质，但它们也不复存在了。另外，有一些本可以转换为托玛丝娜的分子或其后代的分子能催



化的分子物质，但现在这样的转换将永远不会出现在生物圈的演化中了。

如今，托玛丝娜作为一个完整的有机体将再也不会活跃在环境中了。然而她对于跳跃方向的错误选择却使得组织（即组成生物圈的分子物质）向下繁殖到一个较低的水平。

向下繁殖其实很真实，一点也不神秘。你看，现今路边遗弃的旧轮胎比旧马车轮还多得多，汽车已经取代了大草原的四轮大篷马车。

我怀疑还原论就是将因果关系本末倒置。在某种意义上托玛丝娜仅仅只是原子以及组成她的原子在三维空间中的位置和运动。在三维空间中运动着的原子并不需要我们知道什么是自主主体，什么是自我连贯的限制构建、能量释放、繁殖的功任务、催化闭合任务以及自主主体和自主主体共同演化的生态学中构成繁殖组织的其他特征。当然，在另外一层意义上，托玛丝娜的体内也仅仅只有在三维空间中运动着的原子。但是宇宙中像生命的出现、自主主体的出现，或是托玛丝娜生命世界里繁殖组织的出现，这些历史性存在都是无法用牛顿定律加以解释的。毕竟，牛顿的哪一条运动定律可以充分解释托玛丝娜是应该跳到左边还是右边呢？托玛丝娜作为一个有机体，它是宇宙套件中的一部分吗？答案是肯定的。

适应、有意识的演化以及生物圈位形空间的不可有限预言

令人费解的问题真是层出不穷。下面我又要让你陷入困惑之中了。

生物就像达尔文所教给我们的那样通过遗传变异和自然选择在演化着，托玛丝娜只是这众多生物中的一个。还是回到达尔文



关于心脏功能的解释吧。达尔文认为因为心脏的功能是输送血液，所以心脏能被自然选择而选择。也就是说达尔文认为这种因果关系是心脏得以被选择的优势。我比较赞同达尔文关于心脏的解释，只是这种解释的形成是本体论的：心脏能够存在而且持续存在的原因是缘于它对有机物输送血液有利。

但心脏还会产生一些其他因果关系。比如说，心脏在心瓣开闭时会发出心音。心音就不是自然选择作用在心脏上而产生的，心音并不是心脏的功能。

有机体只有部分功能是这种因果关系的一个子集。我曾经谈到过，在自主主体中，辨别能量的受限制释放所做的功任务要求找到那项功任务的因果关系的子集，它们在功能上对于环境中自主主体的生命循环是非常重要的，而且很可能通过自然选择而被选择和维持。我的观点就是我们无法知道有机体各部分的功能，除非是在环境中对整个自主主体加以考虑。

现在，我们将要谈到一个更根本的问题，即达尔文的前适应，或是斯蒂芬·古尔德（Stephen J. Gould）所说的“有意识的演化”（exapatations）。达尔文认识到，在某种恰当的环境中，原先不具有选择重要性的有机体各部分的因果关系，可能会逐渐具有选择重要性，并由此而被选择。因此，这个新的重要的因果关系就成了有机物可以获得的另一个新功能。

举一个有趣的例子。人类的心脏不仅可以产生心音，而且还是一个谐振腔。假定你正在洛杉矶（Los Angeles），突然胸腔中有一种异样的感觉，你意识到，“天啊，地震！”然后你做了该做的事，并得以幸存。你的心脏恰好在此时此刻，与地震来临前的震动发生了谐振共鸣。然后假定你结婚了，并有了小孩，他又继承了你独特的前适应的心脏，而你们那里又经常发生地震，于是这种新能力便为你和你的后代提供了幸存优势。于是在智慧人（Homo Sapiens）这种亚种的胸腔中就会出现地震探测仪，这并



不是件坏事。

当前，按照前适应或者说有意识的演化来演化并不罕见，这种适应进化是大量存在的，如肺、耳朵和飞行的出现等。也许大多数主要的适应和一些甚至可以说全部次要的适应都是因此而产生的。许多适应不是作为达尔文的前适应出现的，就是作为古尔德的有意识演化出现的，这些都足以论证我的观点了。

下面又是一个令我头疼的问题。你是否认为你可以预先描述出有机体所有可能的零零碎碎的因果关系，这些因果关系在某种偶然的情况下具有前适应，由此而被选择，并最终在生物圈中得以存在？更绝对地说，你是否认为你能有限地预言与所有可能的有机体内容前后相关的各部分因果关系，而且这些有机体要具有前适应，并能被选择，而且最终在生物圈中得以存在？

我相信，如果我没有猜错的话，答案必定是“否”。我认为我们不能有限地预言与生物的所有内容相关的各部分因果关系，这些因果关系只在某些特殊的环境中是有用的，并可被选择。然而我并不知道怎样说明这种不可能性，尽管我正试图去这么做。

我想说的就是：是否可以有限地预言所有可能潜在的生物学功能？我仍相信答案是“否”。换句话说，不可以有限地预言生物圈的位形空间。元素周期表对于所有的化学物质来说是一个有限的“基因组”，但我们却不能事先说，物质、能量、过程和组织的所有的组合对于生物圈来说也是一种基因组。

还是讲个故事吧。65433872年前有一只奇丑无比的松鼠，名叫葛楚德（Gertrude），她正呆在一棵树上。葛楚德很丑是因为从她的前臂到她的后肢都有褶皱的毛皮。葛楚德是如此之丑，以至于其他的松鼠都对她避而不见，她只好一个人孤苦伶仃地呆在一棵木兰树上，咽着无味的午餐。正在这时，仅在几米远的一棵高高的松树上，出现了一只名叫伯莎（Bertha）的猫头鹰。伯莎发现了葛楚德。“哈，午餐！”伯莎穿过透着斑驳阳光的树枝俯冲向



了葛楚德。葛楚德猛向上一看，惊呆了。“嘎……嘎”，她尖叫着，绝望地从木兰树顶上跳下来，恐惧地挥舞着她的腿臂。

奇迹出现了，葛楚德竟然飞了起来！是的，她飞离了木兰树，幸运地躲过了早已目瞪口呆的伯莎。就在那个月末，葛楚德依照当地风俗嫁给了一只英俊的松鼠。她成了一位女中豪杰，不仅不再遭到冷遇，而且还成了一位让人艳羡的新娘。由于她奇怪的下垂的皮毛具有孟德尔简单的显性基因的遗传结果，因此她的小孩也同样具有飞行的能力。

也许或多或少这就是为什么会飞的松鼠获得了翅膀的原因吧。

然而当葛楚德恐慌地跳离了木兰树之后，我们可能会半信半疑地问：“你真的看见葛楚德那样做了吗？！”我们可以在事后讲述葛楚德的故事，但我们在此之前是否可以说，葛楚德丑陋的下垂的皮毛就是为了在那一天派上用场的？我们是不能这样说的。那我们是否可以在几十亿年前就这么说呢？或者在今天针对所有可能的有意识演化来重提此事？不。

物理学的某个定律被葛楚德动摇了吗？没有。

下面是一个关于拖拉机的故事（我相信它是真实的）：据说，有许多工程师正致力于发明拖拉机。“拖拉机，好主意！”这是集体智慧的结晶。由于需要大量的能源，工程师们一开始就设计了一个巨大的引擎装置，并试图将这装置置于一底架上。但引擎装置很笨重，它压垮了一个又一个的底架。工程师们被难倒了。直到有一天，其中一位工程师说道：“你们看，引擎装置非常坚硬，我们就可以用引擎装置自身作为底架，然后只需去掉悬挂在引擎装置上的其他东西就行了。”于是拖拉机的底架问题就解决了。这种底架无非又是一个达尔文的前适应或古尔德的有意识演化。

关于文字的起源也有一段简短的历史：在早期的近东地区，绵羊和山羊的赊借很寻常。赊借者只需给借出者一个用黏土焙烤



而成的小的密封容器，然后在容器内装一定数量的石子，石子的数量恰好等于赊借的绵羊的数量。在还羊的时候，将容器打破，数一数石子的数量，以确保还回的绵羊跟赊借的绵羊一样多。

但有时还未到还羊的时候，黏土容器可能会无意中被借出者打破，而容器一旦被打破，石子就会洒落出来弄丢失，借出者就无法确信他回收了所有借出的绵羊。因此，人们就会在焙烤黏土前在容器顶端划一些刮痕，以代表密封容器中石子的数量。某一天突然有人发现，既然黏土容器的表面划了刮痕，那在里面装石子就没有必要了。于是他们磨平黏土，在上面做一些记号以代表借出的绵羊数量，这些记号又被焙烤到黏土中。楔形文字就这样出现了。

你是否由此认为你可以有限地预言与所有人工制品相关的因果关系，这些因果关系在某些特殊的环境中有用，或是对某些特殊的目的有用？我认为不是这样的。这些都并不是因为我们不能有限地预言某些无法计量的事物。举例来说，傅立叶（Fourier）有一个很好的想法。“正弦和余弦，”他用法语自我嘀咕道，“所有可能的波长，从无穷大到无穷小，所有可能的相移……哈哈！”然后傅立叶论证了他的定理，即平面上任何一条曲线都可通过一组加权的带有相移的正弦和余弦来描述，描述的精确度可趋近任意值，这些正弦和余弦是从所有正弦和余弦函数的无限基组里得出的。于是傅立叶为黑板上连续可微的曲线有限地预言了一个无限基组。

然而，我们是否可以为所有可能的有机体，甚至就是当前生物圈中的一些有机体来有限地预言其有意识的演化？答案是“否”。尽管我仍不知该怎样证实我的结论。我们不能预言生物圈的位形空间，但这并未阻碍生物圈不断有意识地演化，葛楚德就是如此。只要任何一种细菌的分子在以有用方式快速摆动就可证明它是在以某种新的方式在探测能源、逃避危险或寻找机会。这



些新的方式可以因为它们具有新的功能而被选择。看一看在分子水平上抵制我们抗生素的细菌的突现速度，以及这种抵制所出现的各种不可预期的方式，谁能未卜先知？

沃尔特和一些其他人试图在诸如“炼金术”和 Tierra 的算法模型上获得更多复杂性的持续突现，但他们遇到了一定的困难。这与生物圈中常见的达尔文的前适应的突现事例有着有趣的联系。葛楚德飞起来了，于是，她褶皱的毛皮由于具备翅膀的功能而被选择了，宇宙中也就得以存在会飞的松鼠了。重申一遍，葛楚德的特性，即她的原子所构成的集体特征，使得她在客观的物理世界中遐迩闻名，并且还被赋予了一个幸存的机会。如果我们对算法上给予模拟的葛楚德的描述中不包括她的褶皱毛皮可当做翅膀这一算法结果，那么“有翅膀的松鼠”这类高级范畴的突现就不会从算法上得以派生。同样，如果我们对引擎装置的描述中不谈及其刚性，那么也不能从算法上派生出引擎装置可用作底架。

然而，我们不禁要问，对葛楚德成引擎装置是否有一种完全的物理描述，以至于所有可能的特性都可从完全的物理描述中派生出来？答案是“否”。简单客体在内容上没有有限描述，这是一个古老的哲学实现。举个例子，我起居室中的咖啡桌由 3 块厚木板组成，还有 4 条矮胖的桌腿，桌腿之间均用方木相连。中间一块板有一道裂缝，裂缝长 20 厘米，宽 0.54 厘米，呈弧线形。桌面上还有一道裂缝，稍小一些，与第一道裂缝相隔 15 厘米。桌上放着一台粉碎机，一台 PC 机，第一道裂缝离门有 2.1 米远，第二道裂缝离门有 2.3 米远。两道裂缝距月球都是 41 万千米，离最近的行星也都是 4.3 光年。一只死蚱蜢位于第一道裂缝的左下端，距最近的行星也是 4.3 光年。一粒尘埃在桌子上方 2.5 厘米处飘浮着，距离飘落到起居室中的榕树叶有 0.6 米远。

你已经感到你无法获得桌子的完整印象。我要讲述什么事？



我要讲的是我做了一个令我自己引以为豪的小创造。你看，我很担心有一天我的妻子或是我的已成人的儿子会将我的 PC 机从桌子上撞落，于是我将一根粗电线楔入到第一道裂缝中，然后将堵缝的粗电线穿入地板的洞中固定。这样，我的 PC 机就可安然无恙在桌子上工作了，不会轻易被撞倒。你能理解我的自豪之所在了吧，就像我的鲁伯·戈德堡装置浇灌我的大豆地一样。

但就是这样微不足道的发明，这样微小的有意识创造也不能轻易地被有限预言。那么，为了描述所有与桌子内容相关的特征，我们怎样才能恰到好处地估计出裂缝和它到地板洞的距离，以至于我正好可以发挥自己的聪明才智解决这一可能的突发性问题？简而言之，似乎不可能有限地预言一些有效程序以列举出所有与客体或器官的内容相关的特征，并通过某些有机体证明它们对一些特殊的目的是非常有用的。我的发明，拖拉机的发明，楔形文字的发明，还有葛楚德的发明，这些都是宇宙中实实在在的新奇事物。

这使我们想到一组非常奇妙的问题。你看，我们的物理学家们一直教导我们说要通过预言位形空间来做科学。我还是想举那个耳熟能详的例子，即在容器中装有-一定数量的阿伏加德罗 (Avogadro) 气体粒子。首先，假定我们能有限地预先指定气体的 $6N$ 维位形空间，也就是说，预先指定容器的三维空间里所有 N 个气体粒子的坐标和动量。玻尔兹曼假定了一个遍历所有位形空间的各态历经假设，并做了计算。你瞧，统计力学便从此诞生了。

按照牛顿力学，只要知道初始条件、边界条件、粒子和力学定律，就可根据这些位形空间作出计算。对于广义相对论，给定爱因斯坦方程以及初始条件和边界条件，就可寻求解答。得到的解答是一个成然的世界。这组可能的解答就是广大相对论的位形空间。在量子力学中，人们习惯于先指定实验的经典条件以及量



子系统的位形空间，然后根据初始状态，运用薛定谔方程求出位形空间中可观测量的演化几率幅分布。在量子力学中，对于任意指定的位形空间都是可有限预言的，于是我们便可遵循位形空间中薛定谔方程的决定论性的时间演化规则，将所得的几率幅平方，便得到了测量结果的几率，最后再计算宏观测量结果。这一切都在于我们事先知道了位形空间。

但是，我们不能预言生物圈的位形空间，那我们该怎么办呢？这时牛顿教我们做科学的方法就不完全了，我们不能像他所说的那样进行计算。事实上，生物学家们通常并不是按牛顿所教的那样在做科学的。我们目前正在对由来已久的演化的不同分支进行研究，其实现在很少有理论涉及演化景观、分子的演化和共同演化、生态系统等这方面的内容。至于生物是怎样发展的，它们的生命循环是怎样展开的以及它们是怎样组合成一个生态系统的，等等，还有大量细节性的实验工作有待完成。

生物学家们继续讲着故事。如果我没有猜错的话，只要生物圈在发展，在有意识的演化和创造、在不断地破坏原有的谋生方式，那么我们就有必要讲述故事。如果我们不能掌握所有与有限预言相关的范畴，那么生物圈或人类历史的突现又从何谈起（人类历史只是生物圈演化的一个片段），这些突现包括新的相关范畴的突现，新的功能的突现，新的谋生方式的突现。这些都是自主主体的作为。故事不仅仅是与之相关，而且它可以告诉我们这个世界所发生的事情以及这些事情的重要性（即其语义）。

简而言之，我们不能推演生命世界，我们只能实践生命世界。故事是弄懂与我们人类这些自主主体的行为相关的模式。其隐含意义是什么呢？如果我们不能推演出生命世界的全部模式，如果生物圈的不规则性比算法还丰富得多，那么，其隐含意义就是我们认知能力一部分，它可以在缺乏推演的情形下指导行为。

事实上在生物圈中，“叙述”正逐步获得普遍性。“你知道葛



楚德是怎么成名的吗？会飞的松鼠就是从它那儿开始演化的！你看，一旦出现合适的环境，孟德尔的显性基因就会很容易得到选择。”生物圈一直在有意识地繁殖演化，现在我们最需要的是讲一些故事来描述它的发展。

是否觉得有点不可理解，斯诺（C. P. Snow）也曾经谈到过科学和人文这两种文化的对立性。我们不能预言生物圈的位形空间，这预示我们要加深对科学的探讨，要为历史偶然性寻求故事，也就是寻求其自然规律。

永恒的创造性

这一章我希望阐明、论证并确认生物圈是有久远繁衍性的，即从根本意义上说，生物圈总是具有创造性的。我之所以对此确信不疑，就在于我坚信我们不能有限地预言生物圈的位形空间。新的变异在持续突现，如遗传密码、重组、葛楚德的翅膀、文字、拖拉机等。新的语言游戏和生存游戏也在持续突现。那么，我们不能有限预言生物圈的位形空间这一结论的重要地位又何在呢？最起码我认为这个说法是正确的，至于其中的原因我暂时无法说清楚。不过，给出几条可能的理由也不失为一种权宜之计吧。

第一个可能的理由就是，生物圈就像复杂的算法一样，以不可预测的方式在发展。你在观察程序运行时会发现，许多算法的行为与其说是在简单，还不如说是在被压缩的形式下是不可被预言的。著名的“中止问题”^①（halting problem）就是一个经典的例子。许多系统都是为了计算出一个结果却死机了，我们并不

^① 中止问题：是指是否存在这样一个算法，如果我们将一个程序的编码（比如C程序）作为输入，这个算法可以输出0或1。如果这个C程序能够在有限步内结束，那么输出是1，否则输出是0。这个问题可以证明不是图灵机可计算的。——译者注



能预先说计算机是否会在有限时间里停机。

我认为生物圈所面临的困难与算法又有不同。看一看算法的结构单元：二进制符号 1 和 0；加减乘除、乘幂、开方运算；条件控制语句，如“如果这样，那就这么做，否则就那样做”；do 循环，等等。这些结构单元都有着清晰明了的数学本原（primitives）。我们对于算法运行的不确定性并不在于我们对本原的不确定，而是在一个给定的计算机代码中对本原排列结果的不确定。比如说，基于这些本原的算法是应该在有限时间内结束还是不结束？

然而，生物圈里的有意识演化大都会改变基本物体和操作控制。这样，复制和分配了子细胞的染色体的演化、遗传密码的演化、受控重组的演化，这些都似乎是演化自身作为繁殖机器的演化。在这种情况下，如果我说得没错的话，我们不能预言生物圈的位形空间并不是我们不能预言本原的结果，而是我们不能预言本原自身。

不能预言生物圈的位形空间与哥德尔（Godel）定理^①也有一定联系。哥德尔表明，在一个比算法公理还丰富的公理系统内，总存在看似很合理，却无法在系统内给予证明的叙述。而且哥德尔还表明，我们总可以扩充公理，根据这些扩充的公理，那些看似合理却又不可证明的叙述存在于形式系统中是完全可能的。另一方面，他也表明，这些新的扩充的公理化系统，其自身也是看似合理却又不可证明的叙述。

我并不认为生物圈位形空间的不确定性类似于形式系统中看

^① 哥德尔定理：即美国著名数学家库尔特·哥德尔（Kurt Godel）的“不完全性定理”，任何一个理论体系无论多么严格、多么协调，都不可能绝对完备，总会产生一些它自身不能解决的问题。哪怕是被认为最严谨缜密的数学形式系统，人们为了解决问题，往往不得不引进新的假设、新的基础，这些东西都可能破坏原来理论体系中的…致性，出现矛盾、悖论……终于导致整个理论结构的变革。——译者注



似合理但又不可推导的陈述。我得出这样的结论主要是依据形式证据与因果关系之间的关系。罗伯特·罗森在他的《生命本身》中也谈到了与之相应的观点。如果我们打算通过形式系统来描绘因果关系，那么从公理按照形式程序推导出来的证据就是描绘前因后果的一种很自然的方式，或者更一般地说，对于处在状态空间的轨迹，轨迹的相继状态都可通过形式程序推导出来，比如将代表系统的微分方程积分。如果我们认为这一观点是正确的，那么形式语言中看似合理却又不可证实的陈述是怎么也不可能从公理到所预期的结果中找到一条合理路径证据的。然而就生物圈而言，这种观点是行不通的。我们可以找到一条非常好的理由解释葛楚德和她的初次飞行，而且在这件事发生之后，我们也可以再编造一个解释，哪怕我们本没有预料到这件事会发生。这样，我们在预言所有有意识的演化时所遇到的困难完全不同于公理化系统中不可证实的陈述这一数学难题。

另一方面，也许我们所说的有意识演化与哥德尔定理以及公理组的扩充之间有某种对应关系，以使得不可证实的陈述变得可以证实。也就是，演化中新奇的有意识演化的突现非常类似于新的基本物体和基本操作控制的突现，即新公理的突现。在以上的例子中，通传密码的突现、复制并将子染色体分配到两个子细胞中的染色体的突现、受控重组的演化，这些都可作为“生物定律”，纵使它们在历史上纯属偶然事件。改变演化中的生物定律就像产生新的公理，从这个新的公理又可推导出新的结果。

按这种解释，我所说的我们不能有限预言生物圈的位形空间可重新表述为生物圈在持续产生新的“因果公理”，从新的“因果公理”它又不断产生新的形式。这正像我们不知道形式系统中新的公理从何而来一样，只能把它作为逻辑学家的自由发明创造而保留下来。因此，似乎我们不能预言新的繁殖有意识的演化，它可使得演化朝着新的方向发展。我并不完全认同这与在哥德尔



定理中找到新公理类似，但我相信它们之间一定有所联系。

不能预言生物圈的位形空间还有着更加深刻的内涵。我将尝试性地给出我的证据。我先不妨推翻我的假设——我们能预言生物圈的位形空间，然后我由此可得出这样的结论：潜在的性质相关的数目几乎是个天文数字，而且宇宙内任何一位博学之才在宇宙生命内都无法将所有可能的性质或范畴以及它们的结果一一枚举，更不用说致力于此项工作了。

还是让我们将注意力集中在分子模型上，如一个 10×10 的磁极方阵。我们称这种磁极为自旋，它要么指向上，要么指向下。于是我们这个小系统拥有 100 个自旋。一开始我推翻自己的假设，认为可以预言位形空间：位形空间与自旋的位形有关。那到底有多少种不同的自旋位形呢？ 2^{100} 。我们该怎样定义“种类”或“属性”呢？一个比较可取的猜想就是：种类是可能的自旋位形的某种集合，如所有自旋都向上的位形加上不多于两个自旋向下的位形。这种可能的种类有多少？ $2^{2^{10}}$ 。

这是一个庞大的数字，它大致相当于 $10^{10^{29}}$ 。这就是说，仅含有 100 个自旋的小系统，其可能的静态种类的数目大约是 10 的幂次上还有 10^{29} 。与之形成鲜明对比的是，在已知的宇宙中实际可以估计到的粒子数目大约只有 10^{80} 。

到目前为止，我们所考虑的还仅是静态类的，它只是 100-自旋系统状态的一个子集。假定自旋能够翻转，那么自旋系统就能从一种位形变换到另一种位形；假定自旋系统的运动被限制在位形空间的闭合循环中，即作简单轨道运动，那么 $10^{10^{29}}$ 个静态状态中的每一个状态都是由一个或多个自旋位形组成的，每一个状态的可能轨道数是其所有组员的阶乘。位形中轨道的数目，即构成 100 个自旋的种类的募集，比静态种类的数目还多得多。

另一方面，假定自旋状态可作任意的运动也是不合理的。自旋位形间的流动要受到自旋的能量耦合的限制。物理学家们会不



假思索地想到“哈密顿函数”(Hamiltonian function)，因为哈密顿函数能给出每一个自旋位形的能量。给定一个哈密顿量，如上述自旋玻璃的哈密顿量（即每一个自旋玻璃都是一个无序的磁材料），那么处在有限温下的系统可能经历的状态数为 2^{100} 的平方根，相当于 10^{15} 个状态。

现在假定有两个这样的系统，每一系统都是 10×10 自旋，它们均由自旋玻璃的哈密顿函数决定。让这两个分子系统在水介质中相互作用，当两个系统相互接触，并彼此都不稳定时，耦合系统就完成了某种非常复杂的自旋运动之舞。一般来说，描述这个运动的方程不能通过解析的办法求解，而得通过数值模拟求解。也就是，对于系统方程的行为没有更简洁的描述，必须通过算法系统使之得到解决，而且算法系统要作微小递增才能吻合系统状态空间中的轨道。将这一结论推广到多分子系统就很轻而易举了。自主主体就是一个典型的例子。即使单个系统的哈密顿量以及所有耦合系统的哈密顿量都已知了，我们也不可能在宇宙生命内计算出耦合的自旋系统的详尽动力学。

但正是耦合系统的这种细微摇摆才使我们发现了前适应（前适应指的是一个分子的独特摆动可以感知另一个分子状态的子集，而且对某些幸存目的的解释也是有用的）。某一天，共同演化的自主主体的一组行为偶然碰到了一起，并通过遗传变异和奇异的分子运动而得到了强化，这些分子运动可以捕获光子、检测能源，它们是“精粒化”分子的有意识演化，并从此之后日复一日，年复一年地一直如此演化。

我们不能计算它。有一种观点认为计算是超限的，也就是说，不是不确定，只是数字太庞大，无法用宇宙中的任何一个计算系统计算出来。事实上，我们可以根据普朗克长度和普朗克时标来研究宇宙的半径，我们也可以通过在光锥内发生的具有因果关系的所有事件来完成一个计算。这样的计算量是很大，但有些



组合问题的计算量更是大得惊人。也许，在这个宇宙中还没有哪一个物理过程能预示这些问题的所有特征，也没有一个有效的方案能在合适的初始条件下做好宇宙计算的准备，等待读入数据，然后输出结果。

不能有限地预言生物圈的位形空间与不能通过宇宙中的任何计算系统枚举和预测耦合分子系统的所有可能的动力学有着密切联系。这也是我最大的赌注。反过来，我怀疑这种不可能与下一章我要讨论的宇宙的不可各态历经性息息相关。我们还将会详细地看到，葛楚德和其他事物的有意识演化在宇宙的历史上留下了宏观生命的足迹，繁殖了某些冻结的偶然事件。宇宙在持续发展，这发展比我们所想象的要丰富得多。



第七章

不可各态历经的宇宙：新定律的可能性

前面我们研究探讨了生物圈及生物圈的神秘性，这一章我们将转向对宇宙神秘性的探讨。再次提醒各位，我不是一个物理学家。

我们知道，室温下的气体粒子很快就可以达到平衡态，确切地说只需几个小时或几天。“平衡态”是指系统的宏观性质，如温度和压强，基本上停止了改变，仅有一些偏离平衡态的小的“ N 的平方根”涨落，但它们也会立刻恢复到平衡态。按照各态历经假设，气体系统经过一段时间后会最终遍历所有的宏观态，所花费的时间与宏观态中的微观态数成正比。就所获得的平衡态的所有宏观性质而言，并不需要所有被抽样的微观态都处在平衡态，而只是微观态的统计分布达到了平衡态分布。

物理学家理查德·费曼（Richard Feynman）说，平衡态就是“所有快的事情都发生了，所有慢的事情都未发生”。他其实一针见血地指出了平衡的概念并不是那么显而易见的。

在足够大的密闭热力学系统中，或是在开放的生物圈系统中，即使经历比宇宙寿命还长的时间，也不可能达到平衡态。这就是这一章所要讨论的主要目的。其实，物理学家们早已认识到这一点。宇宙在略微复杂的分子水平上已经是不可各态历经的了，更不用说考虑宇宙各个部分的总体运动了。



假定宇宙真的不可各态历经，不可重复，而且在宏观上以十分重要的方式历经了比宇宙寿命还长的时间，我们就可以这样问，是否存在普适定律控制着这种不可各态历经行为的某些或所有方面。没有谁知道。不过我打算针对生物圈提出一种可能性的答案，即，像生物圈这样的自我构建系统有可能存在热力学第四定律。这对于生物圈来说有一线希望是正确的。

实际与相邻可能

现在我要再引进一个核心概念——简单性，这也是一个令人棘手的概念。我们先来定义“实际”的概念：将所有位于以地球为球心，以月球轨道半径的2倍为半径的球体内的有机分子称之为“实际”。

我们回顾一下反应图的概念。它是一个双向图，化学物质用点表示，从底物到方盒以及从方盒到产物的线称之为超线。我们用带有箭头的线来区别底物和产物，但反应流动的方向依赖于反应中底物和产物相对平衡浓度的偏离。平衡比率是底物与产物的浓度比，从底物得到产物的净速度等于从产物得到底物的净速度。

反应图由所有的分子物质和代表物质间的反应的超线组成。处于实际中的分子物质的反应图也许包含了无以数计的分子物质。

首先来看一看实际反应图的相邻可能。相邻可能由这样的分子物质组成：它们不是实际存在的分子物质，但离实际存在仅有一步之遥。也就是，相邻可能包含的分子物质并不存在于以地球为球心，以月球的两倍半径为半径的球内，但可以从实际的分子物质得以合成，只须从实际中的底物通过一步反应就可得到相邻可能中的产物。



相邻可能是无限膨胀的。一旦当前相邻可能中的分子物质得到了实现，那么这些形成的新分子就扩大了实际，于是又将会形成新的相邻可能。

48 亿年来生物圈一直在向相邻可能膨胀。也许在生命出现伊始，只存在上十种或上百种的有机分子——如甲烷、氢、氧化物以及其他一些大家熟悉的物质。而现在呢，假设仅有 10^8 种不同的物种，每一物种仅含有 10^7 个基因，物种间的基因各不相同，那么，就算不考虑物种间分子的多样性，单是基因的数量就有 10^{15} 个。若将 RNA、蛋白质、多糖、脂类，还有其他的有机分子都考虑进来，其多样性简直就是个天文数字了。

在过去的 48 亿年里毫无疑问一定有事情在发生。生物圈一直在膨胀，而且或多或少地仍将向相邻可能膨胀。可以说，有机分子的多样性已经增长了 48 亿年了。

有趣的是直到现在我们还没有为这种膨胀找到一个特定的理论。为了给以后作个参考，我要补充说明的是尽管历史上发生过各种重大的灭绝事件，但生物圈中物种的多样性在这 48 亿年里平均而言还是处于增长的。对于我们人类，谋生方式的多样性也已增长了 300 万年或是 10 万年，或是上千年。假设 3 万年前你想拿兔子作为晚餐，你就得外出亲自动手去捕捉兔子，而现在，我们绝大多数人都可买兔子作为晚餐了。真的有些事情在发生。在“经济圈”（econosphere）的种类和谋生方式的层次上，“实际”一直在持续向“相邻可能”膨胀。

我们是宇宙的一部分，是其中微不足道的一部分。我们沐浴在和煦的阳光之下，坐看世间风起云变。生物圈真不愧是宇宙中最复杂的事物之一。

简单说来，实际的分子物质是存在的。处在相邻可能的分子物质是不存在的——至少在我们所谈论的这个宇宙范围中是如此。但是在某一时刻相邻可能的分子物质能成为宇宙中实际存在



的分子，而不仅是宇宙的一个微不足道的修饰。

对于一组仅有底物而没有产物的单反应，其化学势能是非常好定义的，如焓和熵。而且我们根本不需要采用这么复杂的定义。实际中只有底物没有产物，产物存在于相邻可能之中。每一个这样的反应都偏离了平衡态，并朝着相对于产物而言有过量底物的方向进行。这种偏离构成了驱使反应朝着平衡方向进行的化学势能。由此得到的一个简单结论就是从实际到相邻可能存在一个真正的化学势能。其他情况也是如此，整个系统“必须”流向相邻可能。

如果生物圈中有 $10^{13} \sim 10^{14}$ 个有机分子，并且每一对有机分子都能经历至少一个“两底物两产物”的反应，那么反应的多样性就等于分子多样性的平方，大约有 $10^{13} \times 10^{14} = 10^{28}$ 。这些反应的绝大部分都将从实际流向相邻可能。从实际到相邻可能的总化学势能很难估计，但其值一定不小。

宇宙的不可各态历经性

宇宙在复杂有机分子的复杂性层次上是不可各态历经的。在我看来，这一观点具有根本的重要性。

不妨计算一下长度为 200 的所有可能的蛋白质的数量。我们知道，蛋白质是由 20 种氨基酸以不同的编码组成的，将 200 种氨基酸组成线性链，就可得到长度为 200 的蛋白质。因为在 200 个位置上，每一个都有 20 种选择，那么长为 200 的可能的蛋白质的数量就是 20^{200} ，相当于 10^{260} 。

而现在的宇宙中可估计到的粒子数大约是 10^{80} 。这样，不考虑粒子间的距离，在任意时刻可发生的成对粒子的碰撞的最大数目是粒子数的平方，即 10^{160} 。最快的快速反应发生在飞秒层次上，即 10^{-15} 秒。这样，以 140 亿年前的大爆炸为起始时间，可发



生的成对碰撞和反应的数目是 10^{160} 乘以爆炸以来的飞秒数 10^{33} 。

于是即使在飞秒的时间标度上，总的反应数也不会超过 10^{193} 。尽管这已经是一个非常惊人的数字了，但相对于长为 200 的可能的蛋白质的数量（即 10^{260} ）而言， 10^{193} 近乎是一个无穷小量。简而言之，自大爆炸以来，宇宙没有足够的时间来创造长为 200 的所有可能的蛋白质。事实上，仅创造一次长为 200 的所有可能蛋白质的时间等于可能的蛋白质数与宇宙寿命内所发生的最大反应数之比，相当于 10^{67} 倍于宇宙的寿命。

说得明白一点就是，对宇宙而言，至少要在 10^{67} 倍于当前宇宙寿命的时间才能仅创造一次长为 200 的所有可能的蛋白质。很显然，就长为 200 的蛋白质而言，宇宙是不可各态历经的，因此也就不能让这些不同的分子处于平衡态了。

在比原子核的复杂度还要高的层次上，一旦进入了复杂分子的王国里，即使宇宙经历了比它现存年龄还要长的时间，它也不会而且也不能达到平衡态。星系中的巨大的冷分子云（giant cold molecular clouds），绝对温度只有 4 度，是由分子物质高度复杂的组成的。许多含碳的星球，以及星球的诞生地都是如此。我们会立刻想到，是否可以把星系看做一个密闭的热力学系统，它在化学上可以达到平衡。

对飞秒随意给出一些限制行吗？目前已知的最快的时间标度是普朗克（Planck）时标（ 10^{-43} 秒）。按普朗克时标，宇宙充其量只能创造 10^{221} 个长为 200 的蛋白质。与 10^{260} 个这样的蛋白质相比，宇宙还得再花 10^{39} 倍于它当前寿命的时间来创造长为 200 的所有蛋白质。

现在，许多生物蛋白质的长度都达到了 300，甚至 1000 个氨基酸。长为 1000 的可能的蛋白质的数量是 20^{1000} ，相当于 10^{1300} ，这无疑是个天文数字。而宇宙按普朗克时标最多也只能创造 10^{221} 个这样的蛋白质。



姑且不予理会这些。在复杂有机分子的层次上，宇宙是非平衡的，是不可各态历经的。那么在物质、语言、法律系统、雪佛兰^①（Chevrolet）汽车的层次上，宇宙更是不可各态历经的。

在蛋白质的分子和组织的复杂度层次上，或者在比这更为复杂的层次上，即使将宇宙看做一个整体，宇宙在动力学上也仍受到了限制。宇宙从它诞生的地方开始，在以任何过程流向持续膨胀的相邻可能，但却无法流向每一种相邻可能。不论采用何种时间标度，各态历经假设在此都不适用。

将生物圈和宇宙看做一个整体，它们很可能在动力学上始终被限制在了它们所能达到的整个空间中的一个非常小的区域。换句话说，现存的实际小分子和像蛋白质这样的大分子仅仅只是自大爆炸以来在生物圈或宇宙中所产生的总的分子物质中的一个十分微小的部分。

不可各态历经性很是令人困惑。它到底意味着什么呢？比如说，热力学第二定律意味着热力学上的孤立化学系统可以达到平衡态，此时系统的熵增加到一个最大值。还是我们熟悉的例子，室温下的气体能很快到达具有宏观特征的平衡态，尽管其中存在着偏离化学平衡的小的宏观涨落，但它们很快就会减小。而对于螺旋星系中的巨大的冷分子云，其质量大约是太阳质量的 10^8 倍，忽略引力效应，仅考虑分子云中的复杂微粒所正在进行的复杂化学反应，反应中会涌现出许多独特的分子位形，这些分子位形从未在宇宙的历史上出现过。如果我们将这些独一无二的分子物质看做是分子云的宏观特征，那么宏观特性中的这些涨落不仅不会逐渐减小，反而会形成一些更新的、更加独一无二的分子物质。分子云也许值我们的生物圈一样，在动力学上被限制在了一组非

^① 雪佛兰（Chevrolet）属于通用汽车公司的一个分部，“雪佛兰”取自原雪佛兰汽车公司创始人路易斯·雪佛兰（瑞士车手）的姓氏。——译者注



常复杂的分子物质中，这些分子物质在分子云演化时恰巧形成了。

简而言之，若各态历经假设是对的，那么其相关的时间标度就必须比现有的宇宙的实际年龄长得多，由此，宇宙的宏观特征，如像巨大的冷分子云等存在于这个星球中的独特的复杂分子，就会在动力学上被限制在这些分子物质的一个无穷小区域中，这些分子物质可以存在于宇宙的不同历史时期中。

在谈到宇宙的不可各态历经性时，我举出了物质、语言、法律系统、雪佛莱汽车等，这倒决不只是为了打趣。在前面的章节中我们提到过自主主体能形成阶层系统——超循环就是一个再简单不过的例子。超循环是由互惠共生的循环中彼此相联系的复制因子组成的。真核细胞通过吞食不同的细菌，并与之共生便形成了线粒体和叶绿体，不过细胞核例外。还有海星和我们人类这样的多细胞有机体说不定也是如此。这些逐次变得复杂的自主主体们，曾经一直在向相邻可能膨胀，现在也是如此，将来也仍将如此。它们在化学层次上是可定义的，在形态学层次上、行为层次上以及更为高级的层次上都是可定义的。不论处在哪一层次上，48 亿年来生物圈一直在持续向相邻可能膨胀。

这使我产生了一种奇怪的想法：复杂度的级别无限高的，我们称之为“接收者”（sink），其中由自主主体构建而成的宇宙，其迅速增长的秩序都会被“输出”（dumped）掉。而且 48 亿年来生物圈一直在做这样的“输出”。

我还有一些更离奇的想法。大家都知道绝对温度零度，你无法得到比绝对零度更低的温度，这实质上反应了微观运动的量子化。因为有绝对零度，那么利用热差提取功就要求有高温源向低温源传递热量，如卡诺循环。这样的“功循环”必须要有冷源接收者，而且在绝对零度时一定会停止。这些都或多成少地遵循着



宇宙可怕的“热死说”^①。

另一方面，就像我们所看到的，从复杂的有机分子到彼此共同演化的自主主体，在其复杂度层次上，宇宙都是不可各态历经的。这表明复杂度没有上限——也就是没有明显的上限来限制这种“接收者”，就像绝对零度可以限制热引擎中的功循环一样。因此有必要提出这样一个问题：宇宙经历了比当前寿命长许多的时间后是否能膨胀到相邻可能，从而在动力学上越发受到限制，越发特殊和精细。

相邻可能的形式化

使相邻可能的概念具有一定的形式对我们很有帮助，我将利用经典物理学和大家所熟悉的 $6N$ 维相空间来做这件事。回顾一下，装在容器中的粒子具有三个坐标分量和三个动量分量（或者说三个速度分量）。这样每个粒子得用 6 个数值描述。对 N 粒子系统，这就构成了众所周知的 $6N$ 维相空间。

我们先来给实际空间中的一个区域定义一个经典的 $6N$ 维相空间。实际空间指的是以地球为球心，以月球轨道半径的 2 倍为半径的一个球体。实际空间包含了其间所有粒子的坐标和动量。物理学家已向我们保证这样做是有意义的。像往常一样，我们仍将这经典的 $6N$ 维相空间划分成许多微小的“细胞”，每一“细胞”也都是 $6N$ 维的。在任一时刻，以地球为中心的 $6N$ 系统，我们暂且称之为“地球系统”，是这些微小细胞中的一个，或者说是其中的一个微观态。地球系统（可以包含整个太阳系，或银河系，甚至更大的星系团）会随着时间从一个微观态流向另一个

^① 热力学第二定律告诉我们，宇宙的熵在不断增高。总有一天，当宇宙各处的温度完全均匀一致时，熵达到最大值，一切能量都不能再做功，只剩下分子的随机运动。此时宇宙到达等温“热死”阶段。——译者注



微观态。按照上述观点，并忽略引力（这可是一个严重的错误），我们的地球系统在相空间的流动一定是不可各态历经的，而且即使经历再长的时间，它也仍将是不可各态历经的。

地球系统中可以获得当前微观态的总相邻可能就是与当前微观态相邻的总微观态数。这个数字很大，有 2^{6N} 。若假定地球系统中有 10^{40} 个粒子，经粗略估计，微观态的相邻可能总数是 $2^{10^{41}}$ 。简而言之，我们这浩瀚宇宙的下一个状态将要从这 $2^{10^{41}}$ 个相邻微观态中挑出。

现在我们来定义真实的相邻可能。在经典的 $6N$ 维相空间中，当前微观态中的每一个点都位于一个特定的轨道上，它最终要么停留在当前的微观态上，要么离开当前微观态而流向另一个特定的相邻微观态。考虑当前微观态中的所有点，对于每一个点，从这个点到它所流向的相邻微观态画一个红色箭头，那么真实的相邻可能就是那些离开了当前微观态而到达了用红色箭头所标示的所有相邻微观态的集合。

在经典物理学上这是一个非常好的定义。从当前微观态所得到的真实的相邻可能也许仅是一个单态，所有的箭头都指向了这一种相邻微观态。这意味着当前微观态中的所有点都位于流向同一相邻微观态的轨道上。

真实的相邻可能也可以是这样：从当前微观态所发出的箭头指向了两个相邻的微观态。这意味着当前微观态中的点分成了两类，每一类点都位于当前微观态的不同区间中。其中一类点流向了其中的一个相邻微观态，另一类点沿着轨道流向了另一个相邻微观态。微观态中存在两类点也意味着对称性破缺——空间被分成两个部分，可能一部分是致密的，而另一部分却是相互混合和缠绕的。其中一部分流向了一种相邻可能的微观态，而另一部分流向另一种相邻微观态。

一般而言，对于地球系统中的任一微观态，我们将真实的相



邻可能的维数定义为从当前微观态所流向的相邻微观态的数目。任意一个给定的微观态的相邻可能的维数很可能跟微观态的相邻可能总数一样大小，比如为 $2^{10^{11}}$ 。

很显然，相邻可能的维数越大，那么在当前的微观态下就会有更多的对称性破缺，因为从当前微观态所得到的相邻可能的维数大致相当于空间被分割的数目。当然，就决定论性的经典 $6N$ 维相空间而言，地球系统从当前微观态只能流向真实的相邻可能的微观态中的一个。

值得一提的是，在某一点，如果地球系统的某一个微观态的相邻可能的维数足够大，那么对于流向一个特定的相邻可能的微观态，其体积就会变得足够小，因为它必须满足海森堡（Heisenberg）的“测不准原理”。在量子水平上，当前微观态以一定的几率流向各种相邻可能的微观态。当前微观态该流向何处不再具有决定性，而像是上帝掷骰子一样。

进入相邻可能的历史性膨胀与定律的启示

我们不禁要问在过去的 48 亿年里，地球生物圈的相邻可能的维数到底是增加了，还是减少了。一开始，我们先来看一看容器中的活细菌和其无生命的均匀分子组成。在活系统中，细胞内化学浓度的小涨落可以开启和关闭无数个存在于细菌的基因调节网络^①这种复杂系统中的基因。

比如说，基因网络中有一小部分可以是大肠杆菌内的乳糖操纵子（operon）。乳糖操纵子包含有 3 个结构基因：糖码蛋白质的

^① 雅各布（Jacob）和莫纳德（Monod）认为，任何细胞都包含着几个“调节基因”（regulatory genes），这些调节基因就像开关一样，能够打开或关闭其他基因。1965 年，雅各布和莫纳德由于提出并证实了操纵子作为调节细菌代谢的分子机制而获得了诺贝尔生理医学奖。——译者注



基因和两个比较相近的小 DNA 序列，我们称之为“启动基因”（promoter）和“操纵基因”（operator）。启动基因和操纵基因用来调节从结构基因到 RNA 的转录。一般情况下，从位于比较远处的基因所合成得到的阻遏蛋白会结合操纵基因，从而阻挡了从启动基因到结构基因的转录。然而若存在乳糖，乳糖就会结合阻遏蛋白，并改变它的构型，使阻遏蛋白不能与操纵基因结合。在这种情况下，结合在启动基因上的其他蛋白就能够转录乳糖操纵子的结构基因。 β -半乳糖苷酶也包含在其中。 β -半乳糖苷酶可以使乳糖代谢。这样，细胞一般不会产生 β -半乳糖苷酶，但是在有 β -半乳糖苷酶所需的代谢物的情况下，乳糖操纵子就可以用来合成那些使乳糖代谢的酶。其实，大肠杆菌内乳糖浓度的微小改变可以开启乳糖操纵子的合成，甚至包括使乳糖代谢的 β -半乳糖苷酶的合成，这就是一种“阈值事件”（threshold event）（操纵子要么开启，要么闭合），它构成了活细菌的当前微观态下的对称性的破缺。从数学上来讲，阈值是细菌化学状态空间的“分界”（separatrices），在其一边乳糖操纵子开启，而在另一边乳糖操纵子关闭。

事实上，乳糖操纵子是一个双稳态的开关。一旦操纵子接通，三个结构蛋白就有一个会成为使乳糖进入细胞的通透酶。这样，一旦操纵子被激活，它就可以保持活性。尽管一开始细胞之外的乳糖浓度必须比较高才能激活操纵子，然而即使这种浓度被降低到了某种中等浓度，它也仍可以保持活性。在这种中等的外部浓度下，细胞能稳定的处于两种状态：活性乳糖操纵子和非活性乳糖操纵子。若内部乳糖浓度的一些小的涨落能穿过阈值浓度，那么就可以造成细胞从一个活性状态跳到另一个活性状态，并在那个活性状态停留较长时间。

对于这一容器内的活细菌，相邻可能的微观态总数大致相当于基因活性的不同开-闭组合数以及所有细胞的基因调节网络所



能得到的代谢产物数。很显然，在相同温度下，真实的相邻可能的微观态数目，也就是从这一容器活细菌的当前微观态所能获得的相邻可能的维数，必定远远大于其无生命的均匀的细菌的相邻可能维数。

这些简单的观察结果表明，在过去的 48 亿年里，自生命出现以来，自主主体就开始不停地共同构建生物圈，并将放能反应和吸能反应结合到各种各样的谋生方式中。分子多样性、生物多样性和行为多样性也在不断地增加，生物圈作为一个整体，或其绝大部分的相邻可能的维数也在急剧增加。

我说过，对称性破缺最终会使得海森堡的测不准原理限制每一微现态的体积。这样，很可能真实的活实体、细胞等恰好横跨于经典和量子的边界上。光子打在视色素分子上能产生神经反应。简而言之，真实的活实体位于经典和量子的边界上。如果共同演化的自主主体能增加交替事件的多样性，那么活实体最终一定会受到海森堡测不准原理的限制，并至少部分地停留在量子世界里。

若假定活实体最终会临近甚至超出海森堡测不准原理的限制，并部分地停留在量子世界里，那么这个假设会引出另一个更具有吸引力的假设。在第十章，我们将会考虑“量子消相干”的情况。在相同的始末状态下沿着不同途径传播得到的量子几率幅会丢失相信息，这是一个已经得到确认的观象。相信息的丢失会阻碍干涉的相长和相消，而干涉是量子现象的标志性特征，干涉现象消失便意味着过渡到了经典行为。许多物理学家认为这种消相干是对测量事件中著名的“波函数坍缩”^① 的最新解释（“波函数坍缩”是由哥本哈根学派提出的）。波函数的坍缩将量子几率

① 按照哥本哈根（Copenhagen）学派的解释，波函数坍缩在量子力学中，粒子在被观测之前以一种几率波的形式弥散在空间中，通过一次观测，粒子的波函数被不可逆地坍缩到某一个具体的本征态上，几率消失了，确定的粒子效应出现。——译者注



的传播叠加变成了一个真实的经典事件。

活细胞内量子现象和经典现象的融合要求具有量子相干性，然而在正常温度下，细胞和有机体内出现相干性是不太可能的。另一方面，在这样一种情况下，量子现象和经典现象的融合不需要量子相干性也很可能发生，那就是消相干的时间标度与细胞-分子现象的时间标度相近或重叠。最新计算结果表明，室温下水中蛋白质的量子消相干的时间标度在 10^{-16} 秒的数量级上。这样，很有趣的是蛋白质和其他有机分子的运动模式处在一个跨度很大的时间标度上，从几十秒到 10^{-16} 秒。于是，量子消相干的时间标度几乎与细胞内快速的分子运动的时间标度一样。说细胞同时处在量子世界和经典世界里并不那么难以接受，这表明交替分子运动的几率幅的传播叠加可以在非常快的时间标度上消相干，并且当蛋白质彼此协调耦合以产生交替行为来引导细胞进入它的相邻可能时，可以帮助蛋白质以及其运动挑选出当前的经典微观态。简而言之，细胞可以通过许多同时存在的量子几率的量子叠加来随意进入相邻可能，然后消相干以产生经典选择。这样一个假设应该是可检验的。

而且，我还要斗胆预言，一定有某些东西与意识、量子几率幅中的传播叠加的持续消相干有关，这样，当经典选择确实产生了要作用于物质上的想法后，可以使得消相干之类变成现实。也许细胞“把握”（prehend）着它们量子上的相邻可能、消相干和经典上的作用。也许细胞根本就非常了解它们的世界。

定义了相邻可能的维数后，我们发现生物圈和宇宙是不可各态历经的，由此在动力学上被限制在了其整个几率空间的一个非常小的区域中。此时我们不禁要问，是否有普适定律支配着这种不可各态历经的流动。如果生物圈的相邻可能的维数真的已经增长了 48 亿年了，我想作出如此一个显而易见的推测：平均而言，我们的生物圈或地球外的其他生物圈都在尽可能快地增加着它们



的相邻可能的维数。

后面我还会谈到这种增加的界限问题。如果增加得太快，系统将会破坏掉自主主体的繁殖组织，而正是这种繁殖组织的共同演化和不断增加的多样性才推动了相邻可能的膨胀和相邻可能维数的增加。自主主体们不断地摸索着新的谋生方式并运用这些新方式。生物圈进入相邻可能的膨胀其实就是一次又一次的有意识演化。

事实上，我们会很容易地联想到生物圈的“工作空间”，工作空间就是下一时刻所能发生的事情，即实际加上相邻可能。我猜想，生物圈在不破坏它自身的同时一定也在尽可能快地扩张它的工作空间。

我似乎是一个不知天高地厚的生物学家，我又开始怀疑，宇宙作为一个整体，在它不可各态历经的流动中，是否一直在扩张它的工作空间的维数，是否在一直膨胀它的相邻可能。如果是这样，那么自大爆炸以来，宇宙正在持续以这样一种方式多元化和变得更加复杂，即平均而言，下一事件的不同可能性的多样性正在尽可能快地增加。当前的物质、过程和能源的多样性越大，那么它们就会有越多的耦合方式来产生更进一步的新奇的对称性破缺。果真如此的话，那时间就有了方向性，而且总是朝着对称性破缺的方向的。时间的箭头完全取决于这种方向。在第十章我还会谈到这个问题。宇宙为什么如此复杂，这是一个我们值得思索的问题。由自我构建的生物圈看来，宇宙也将会以更加复杂和多样化的方式来构建自己。

如果有人能给出一个定律，它可以解释宇宙的多样性和复杂性在本质上能以最优的方式增加，那么这个定律一定会备受青睐。有热力学第四定律吗？存在着时间的箭头吗？时间箭头的假设之所以吸引人，就在于它与不可各态历经的宇宙构建自身时不断地膨胀相邻可能，不断地扩张工作空间息息相关。这与众所周



知的热力学第二定律的熵增加原理是时间的箭头这一思想形成了鲜明的对比。但第二定律只是在各态历经假设能适用的系统和时间标度上才有意义。但是，就目前的分子物质的复杂度而言，各态历经假设并不适用于当前的宇宙和时间标度。也许我们遗漏了一些摆在我们面前的重大的且又正确的东西。

从另一个角度来看，宇宙，尤其是生物圈，其不可各态历经性其实是非常有意思的。当可能性空间比实际所发生的要大一些，甚至大很多时，历史也随之出现了。正是因为现实中的生物圈相对于过去 48 亿年里生物圈中所发生的事情而言是如此渺小，也正是因为自主主体能通过遗传变异来演化（遗传变异可以诱发后代血统中的繁殖冻结事件），所以生物圈才在历史的长河中如此深不可测。

生物圈相邻可能的增长界限

一谈到相邻可能的维数的增长临界就必然要讨论历史上曾经发生过的重大灭绝事件。也许生物圈中的分子多样性以及物种和行为的多样性在这些事件中都遭到了破坏。基于这些灭绝事件，历史上形成了两大学派：灾变论^①和内因论。灾变论者谈到了陨星。在恐龙世纪末，陨星像庞然大物一样砸在了尤卡坦^②（Yucatan）的海岸线上，于是造成了恐龙的灭绝，当然这只是猜测，并不确定。内因论者，包括我在内，承认有骤然跌落的陨石，但同时我们也注意到了灭绝事件中的幂律分布，在分布中，有许多小的灭绝事件和少数大的灭绝事件。在下一章我们将从自组织临界

① 地球历史是由一系列突然的灾难性事件构成的。——译者注

② 有科学家认为，地球上发生过多次的生物大灭绝，在这之中 6500 万年前的恐龙灭绝是由于一颗撞在墨西哥尤卡坦（Yucatan）半岛，直径 10 千米的小行星造成的。——译者注



模型来考虑这些迹象，我们认为，大大小小的灭绝事件都起因于生态系统内生的共同演化行为。

尽管我是非常赞成内因动力学的，但其中的某些观点，我不敢苟同，比如说，生物圈总是内生地增加它的相邻可能。我认为，共同演化的自主主体中内生的生物圈的恶作剧才是大大小小的灭绝事件的起因。一旦有了增加相邻可能的趋势，那么这个趋势就会一直持续下去。而且，任何的膨胀将最终被限制在地球上。每个物种中至少有一员要在这个星球内、或在星球上、或在星球周围存留。每一个物种成员都得占据一定的三维空间，而这个星球也只有这么大。

但我更关心的是进入相邻可能膨胀的一种可能的内生的自我调节。如果进入相邻可能的膨胀发生得非常快，它往往会破坏掉有机体的繁殖组织，而这种繁殖组织又是膨胀的基础和源泉。

回顾一下超临界的化学反应系统。这样的系统可以持续产生新奇的分子。在讨论生命起源的时候，我们看到，在分子物质和催化剂的多样性临界处，相变发生了，其中被催化的反应形成了一个巨体系的部分。分子物质则从实际基组流向了持续膨胀的相邻可能。

我比较喜欢讲述诺亚的容器实验（Noah's vessel experiment），尽管它是假想的，但因为我很想知道生物圈是否是超临界的，所以还是介绍如下：从每一物种中提取两个，这样就有上亿个物种，有雄的，有雌的，然后将质量标准化（如此做你就只须取一小部分的河马和大象），再将这些物种倒在一个大的搅拌机中，破坏所有的组织和细胞边界，使之彻底搅匀，最后再将这些生命物质倒进一种均匀的溶液中。

搅拌机中小分子的多样性的数量级为 10^9 ，而像蛋白质和聚合物这类大分子的多样性大约在 10^{14} 的数量级上。假定任何一对分子物质都能至少经历一次“两底物两产物”的反应，那么总的



反应数就是分子多样性的平方，大约为 10^{28} 。如果一个蛋白质催化一个反应的几率是 $1/10^{12}$ ，那么，被催化的反应数就等于反应数乘以蛋白质催化剂数，再乘以一个给定蛋白质催化一个给定反应的几率，即 $10^{28} \times 10^{14} \times 10^{-12} = 10^{30}$ 。简而言之，差不多所有可能的反应都会被某种物质催化。平均而言，每一个可能的反应都可找到 100 种不同的蛋白质催化剂。于是完完全全可以出现进入相邻可能的持续膨胀。因此，生物圈是超临界的。更精确地说，如果所有的分子物质在比较短的时间标度上都能彼此联系，那么生物圈一定是超临界的。但是所有的分子物质并不会彼此无端地相互联系，毕竟分子物质被限制在了细胞中。

值得一提的是单个的细胞并不是超临界的。粗略估计，细胞新陈代谢时大约含有 1000 个有机分子。设想向细胞内注入一个新分子 Q。也许 Q 能与这 1000 个有机分子中的每一个组合形成两个底物。这样，Q 的加入提供了大约 1000 种新的反应。让细胞的蛋白质多样性与人类的基因数一致，为 10 万。每一种这样的蛋白质都有自己的演化目的，但总会留有一定的弯弯角角作为新的催化位点。于是，由于 Q 的存在，新的被催化的反应数等于蛋白质催化剂数乘以由 Q 的加入而得到的新的反应数，再乘以任意蛋白质催化任意给定反应的几率。蛋白质催化剂数乘以 1000 个新反应得到 10^8 。而据目前估计，一个随机选择的蛋白质催化一个随机选择的反应的几率约为 10^{-9} （这是根据一个单克隆抗体催化一个反应的几率得来的）。如果是这样，当 Q 注入细胞后，1000 个新反应中，可能被催化的数目是 $10^8 \times 10^{-9}$ ，即 0.1。由于 0.1 比 1 小，所以平均而言没有新的反应被催化，细胞是亚临界的。

如果催化的几率是 10^{-12} （在计算中经常以此来判断生物圈作为一个整体是否是超临界的），而不是 10^{-9} ，那么细胞就会更加的亚临界。如果催化几率是 10^{-12} ，那么 Q 的加入将使得细胞中



的可能被催化的反应数仅为 0.0001。

因此细胞是亚临界的，而且这决非是坏事。如果细胞是超临界的，它们就会不断地在内部产生分子多样性。而许多新的分子物质对细胞是有害的。简而言之，细胞必须保持在亚临界态，细胞群落也必须保持在亚临界态。否则，分子多样性的产生速度将会超越自然选择从失败者中筛选出优胜者的能力。万物都将消亡。生物圈中所有的繁殖组织都将在如山洪暴发一般的分子产生中支离破碎。

简而言之，相邻可能将快速膨胀，而周围的事物却逐渐消亡。如果细胞是超临界的，那么繁殖组织将会因此而毁掉它自己。

而事实上细胞不是超临界的，按照诺亚的容器实验，生物圈作为一个均匀整体是超临界的，这意味着每一细胞在某种程度上都与其他细胞隔离开来，而且每一细胞都有有限的分子多样性也绝非偶然事件。如果事情不是如此，我们也将不复存在。

那微生物群落又是怎样呢？考虑一个群落有 N 个物种。随着物种多样性的增加，群落的总的分子多样性也会增加。在某一点处，群落作为一个整体可能在化学上处于超临界状态。将一个新的分子物种 Q 加入到群落的一个物种中，然后被隔绝，使细胞不发生改变。 Q 要么被其他细胞吸收，要么遗失在土壤中，要么经历一个反应形成一个已知的或新的物质。在物种的某个多样性处——物种包括 N 以及一些新加入的分子 Q 、 R 、 S ……群落将会变成超临界的。在这个阶段，群落中的分子多样性增加得非常快。如果新分子的含量非常高，达到了纳摩尔 (10^{-9}) 或皮摩尔 (10^{-12})，那么 N 个物种中将有一些会被破坏掉。局部群落的物种多样性也会减少。不过，这个过程也可能满足这样一种情况，有着因果联系的局部群落的多样性会下降得足够低以致于群落不再是超临界的。



与之相反的观点是群落的多样性可以通过加入新成员，或当前分子的突变而增加。这也表明存在这样一种可能性，即局部群落总是趋近于亚临界-超临界边界。

简而言之，内生过程几乎完全限制了分子多样性的产生速度，使得细胞和局部群落不是超临界的。新分子的产生速度必须足够慢以使得自然选择能作用于遗传变异以便从失败者中筛选出优胜者。我的观点就是，局部群落中的内生过程控制着分子相邻可能的膨胀速度，使得这个速度足够慢以至于自然选择能从失败者中挑选出优胜者。如果是这样，那么生物圈就控制着它自己进入分子相邻可能的膨胀速度。按照这个观点，生物圈尽管一直在设法逃避进入相邻可能膨胀，但它却仍在进入相邻可能膨胀。

不妨让我们将当前的讨论概括为曼费雷德·艾根和彼得·舒斯特所提出的著名相变——“差错致灾”（error catastrophe）假说^①。艾根和舒斯特考虑了在适应度景观上演化的复制因子群，如病毒或细菌。在适应度景观上，适应度高则对应山峰，适应度低则对应山谷，适应度不高不低的则对应山脊。总的来说，如果突变的速度足够慢，那么种群就会位于景观上有着比较少的突变体（一个或两个）的某一点处。这些突变体将会比那些具有较低适应度的突变体复制得更快一些，并最终取代它们，由此整个种群都将会移到景观上一个有着更高适应度的新点。如果这个过程得以持续，那么种群将会逐渐向上爬到适应度的局部峰值附近，并停留于此。

但是如果突变速度一直增加，在某个点处，种群会“融化”掉适应度峰，并从适应度景观上游走。这种“融化”便是差错致灾的相变。艾根和舒斯特将这种已知病毒的突变速度与它们的基

^① 任何自我复制系统都能承受低于临界阈值的复制错误，而一旦突变速度超过了这个阈值，系统的基因信息便会丢失，导致“灾难”发生。——译者注



因组的大小联系起来，并表明在自然选择仍可以克服融化之处，病毒将接近但低于差错阈值。细菌在新陈代谢上远比病毒复杂，而且比病毒更加保守，因此它们的突变速度远远低于差错致灾。为什么细菌或更高级的细胞的突变速度远远低于差错致灾，这一点仍鲜为人知。也许细菌的突变速度越高，它们的群落就会越接近超临界，这可是要不得的。

这样，突变速度和群落多样性所受到的限制表明细胞和群落在避免变成超临界的，反过来，这又限制和控制着局部群落进入相邻可能的膨胀。另一方面，生物圈是由许多不同的局部群落组成的。进入相邻可能的膨胀速度必须受到限制，这样，广义上的艾根-舒斯特差错致灾就不会发生，即种群或群落不至于没有充分的组织来生存和繁殖。

所有这些都表明，如果假定生物圈一直有可能进入相邻可能膨胀，但它又努力试图避免这种膨胀，那就得要求自然选择必须有力而且快速地补偿新事物的涌现速度。

有趣的是经济中也会出现同样的现象。我们都听说过未来的冲击^①。大意就是，我们惟恐技术变革会超过我们。但是它会吗？是否有一种自我调节机制，它控制着我们进入技术变革的相邻可能的速度？

我想后者并非不无可能。想想：为什么一项变革能被引进？因为有人认为引进这项创新可以赚钱。但是，如果发明了这项创新的人或公司将其投入到一个乡村市场，而乡村市场的产品的生命周期又非常短，他们根本不能吸收这项技术并赚钱，那么这家公司一定会倒闭。因此，我们所提出技术的相邻可能必须是我们能通过它赚到钱。我们控制着我们进入技术未来。

^① 《未来的冲击》(Future Shock)，由著名的未来学家托夫勒(Alvin Toffler)所著。他在书中指出，不断加速的变革将对人类产生震撼性影响，并分析了人们为什么会对未来感到茫然、害怕、不知所措，以及人们应如何应对未来。——译者注



于是可以看出，生物圈和经济圈有着相同的内因机制，这种机制控制着进入相邻可能的探索，而这种探索确实成功地找到了新的谋生方式，新的自然游戏和商业游戏，它们可以被自然选择而选择，或者是经济上所说的成功或失败，而且这种探索已经由来已久。因此，可以进一步地假定相邻可能的膨胀速度内生上趋向于它是大限度所能持续的速度。

我打算用一个很奇特的计算和推测来结束这一章，它是由乔治梅森大学(George Mason University)的生物物理学家哈罗德·莫罗维茨(Harold Morowitz)提出来的。莫罗维茨考虑了这样一组原子：C(碳)、H(氢)、N(氮)、O(氧)、P(磷)、S(硫)。接着他考虑了由这些元素所形成的有机分子以及这些元素间相连接的键。主要有两种键，一种是链终止键，如羟基—OH，另一种是链延伸键，如 $C=C$ 。链延伸键会使得分子系统拥有更加多样化的分子。而链终止键却往往会限制所能形成的分子的多样性。

莫罗维茨又考虑了链延伸键与所有键（即链延伸键加链终止键）的平衡比率，它是系统中每单位体积的温度（或能量）的函数。在高温时，系统是等离子体，当处在平衡态时，链终止键比链延伸键更具有主导作用。在低温时，链终止键完全占据主导地位。

如果你把链延伸键相对所有键的平衡比率作为每单位体积中的温度（或能量）的函数画出一条曲线，你会发现曲线先向上翘，然后到达一个峰值，然后再向下降。这样，每单位体积中必然存在一个最优的温度或能量，可以使得链延伸键与所有键的平衡比率最大化。莫罗维茨的结论中引人注目的一点就是，曲线的最大值（链延伸键在平衡态时的最大值）非常接近于地球生物圈中每单位体积的平均能量。

尽管其计算很粗糙，但我发现这个结果真的很有意思。这表明，在某种程度上，生物圈可以达到一种单位体积的能量使平衡



态时的链延伸键最大化。但这也意味着形成一个具有高分子多样性的生物圈的能量必须被最小化。

仿佛是生物圈在设法使它自己获得这种单位体积的能量，并使得分子多样性被最大化，从而使得生物圈的工作空间也被最大化。这是怎样发生的呢？我们不妨加以考虑盖娅（Gaia）假设^①。在盖娅假设中，一个简单的模型星球仅有黑白两种菊花^②。它们的相对丰度反应了星球的反射率（或反射能力），即被生物圈吸收掉的太阳能部分。这个简单模型表明，黑白菊花的比率能最大化它们的联合适应度，由此调节生物圈中每单位体积的能量。

莫罗维茨的计算值得我们注意。我的结论是以他简洁的计算为基础的，也应该引起大家的重视。我的结论其实很有说服力，只是没有得到证实。另一方面，生物圈在不断地增加它的分子多样性，不断地扩张它的工作空间，不断地膨胀它的相邻可能。如果生物圈中每单位体积的能量恰好可以为自主主体的共同演化、寻找新的谋生方式、玩自然游戏提供廉价的动力，为共同创造生物圈提供廉价的动力，那就更有意思了。

总的来说，我坚持这样一个观点，生物圈在尽可能快地扩张它的工作空间，包括它的相邻可能维数。如果是这样，我们就算是尝试性地为生物圈提出了一个法则。下一章我还将会讨论另外三个候选法则。四个法则都得认真对待。在这个阶段我们若能归纳出所有生物圈的尝试性定律就已经足够了。万事开头难，广义生物学的研究也不例外。

① 以希腊神话中的大地女神 Gaia 命名，它认为地球是一个生命的有机体，生物的进程有利于稳定一个适宜的地理环境。由英国生物学家 James Lovelock 于 1969 年首先提出。——译者注

② 菊花模型是一种计算机模型。用计算机模拟一个星球，其特征与地球相似，在星球表面上，仅分布着两类种子，黑菊花和白菊花。黑菊花吸收热量，白菊花反射热量。黑菊花越多，表明吸收的能量越多。——译者注



第八章 生物圈共同构建的候选法则

为了便于讨论，姑且承认分子自主主体能繁衍组织，并能通过大家所熟知的达尔文的突变和选择规则来演化。这些自主主体彼此共同演化，而且还发现了用来做功的相对平衡态的偏离，并记录下了这些能源，然后将放能反应和吸能反应连接起来。生物圈就是在这些自主主体的演化与突变、优胜与劣汰的基础上才得以存在的，并仍将有意识地持续进入相邻可能演化。

但生物圈是怎样自己构建了自己？有规律可循吗？这些规律能适用于任何的生物圈吗？一定会有广义生物学规律吗，也不论自主主体怎样得以存在，怎样不断地改变而产生了宇宙？

没有谁知道答案。然而我们期待会出现这样的规律，并很高兴能参与寻找这些规律，哪怕只是才刚刚开始。将来最糟糕的事情莫过于我们全错了。但可能我们是对的。在这一阶段我们若能归纳出一些普适的候选法则就已经足够了。我们的不懈努力一定会使之日趋完善。

在这一章，我为任意的生物圈提出了四个候选法则。因为科学的发展已超出了前面几章所列举的内容，所以在这一章我将会给予更详尽的描述。我希望大家能透过这一章的内容，对前面所讲的知识有更深入的了解。

共同演化构建的分子自主主体群落在演化中可能会出现四个



明显不同的阶段：

定律一：自主主体群落将会演化到群落成员间的动力学“混沌边缘”，与此同时还可获得每一个主体世界的最优粗粒化，它将最大化每一主体无须“颤抖的手”就可识别和作用的能力。

定律二：主体的共同集群在相对于共同演化而言的比较短的时间标度上，将会集聚到自组织临界状态，这时每一个群落中都会有某些物种数达到最大值。在这些最大值附近，会出现局部灭绝事件的雪崩的幂律分布。在趋近最大值的过程中，新物种产生的净速度会逐步减慢，并最终停止。

定律三：在共同演化的时间标度上，共同演化的自主主体作为一个群落，可通过调节景观结构（谋生方式）和耦合景观而达到自组织临界状态，从而产生物种灭绝和物种形成的幂律分布以及物种寿命的幂律分布。

定律四：自主主体会一直演化，直至局部群落处在“亚临界-超临界边界”上，以便持续为群落的有效相空间的相邻可能的膨胀提供一个自组织临界平均。

候选定律之一：动力学混沌边缘

分子自主主体，如自生细胞，都是并行处理的分子动力学系统。像大肠杆菌这样的细菌，差不多有 3000 个左右的结构基因。大肠杆菌内的分子物质包括大约 1000 个位于新陈代谢中的小分子，以及基因、RNA、蛋白质、脂类、大的碳水化合物等。为便于讨论，假定大肠杆菌内大约有 5000 个分子物质，实际的分子物质数应该比这个大得多。

细胞是一个并行处理的动力学系统。也就是说，细胞同时进行着各种各样的分子活动：包括从基因转录到 RNA 的开启和关闭，从 RNA 到成熟的信使 RNA 的处理；从 RNA 到蛋白质的转



译，蛋白质作为酶催化反应的活动，酶通过磷酸化和去磷酸化这种化学事件产生的修饰活动；像双脂膜、微管的组装和拆散这种结构成分的构建，蛋白质和其他受体的构建。这些受体位于细胞边缘的跨膜上，或细胞的其他地方，包括出现在真核生物的核膜上，以使得信号分子能被检测到并发生响应。

因此，不论是在大肠杆菌内、酵母菌内，还是在你的胰细胞内，大量的活动都在同时进行。我们可以采用系统的“状态空间”这一概念框架来考虑所有这些活动。如果我们忽略几何形状，即忽略细胞内彼此相关的分子的位置——这是非常理想化的——这样细胞的状态空间就由所有的分子物质和它们的“活性”或“浓度”所组成。

下面我将集中讨论基因调节网络的行为。1961年到1963年，雅各布（Jacob）和莫纳德（Monod）做了一些非常有创造力的工作，并为此而荣获诺贝尔奖。他们认为基因能彼此互相开启和关闭。详细地说，由一个基因构成的蛋白质能在细胞内扩散，并与某一DNA位点结合，我们称之为“顺式作用位点”；临近于第二个基因，编码了蛋白质的基因是结构基因，一个蛋白质或多个蛋白质在顺式作用位点附近的结合能使得第二个结构基因开启或关闭。更一般地，可扩散因子（又称为反式作用因子）与顺式作用位点的结合能调节结构基因附近的转录的分级率。

人类细胞估计有8万~10万个结构基因，处于1万~10万个顺式作用位点之间。总的来说，任何一个结构基因都可被0~10个不同的反式作用因子调节，这种反式作用因子结合在一个或多个顺式作用位点附近。因此，人类基因组系统是一个高度复杂的调节网络和相互作用网络，通过这个网络，基因可以相互开启或关闭彼此的活性，或者说，可以调节彼此的活性。

正是这些基因网络加上蛋白质和其他分子相互作用的细胞网络的动力学行为控制着细胞的行为，包括从受精卵到成体的



发育。

在过去的 30 年里，我们已做了大量的理论工作来研究这种基因调节网络的行为，下面我将简要地谈一谈它们与实验的关系。

布尔网络

举一个简单的例子，我们假定细胞中有 N 个基因，并进一步理想化地认为，在任意时刻，一个基因要么主动转录到 RNA（设其活性为 1），要么不能主动转录（设其活性为 0）。这样，可以把基因当做二进制处理，或曰“布尔”变量。布尔网络是一个基因网络模型，其中有 N 个二进制（或布尔）基因，每一个基因都可从 N 个基因中的某些基因获得调节输入，每一个基因通过它的输入的布尔函数来控制，告诉它应该在何种输入活性下开启或关闭。

布尔理想化的限制很大，但从这样一个布尔理想化开始很有用。如果人类基因组有 8 万个结构基因，每一个都能开启或关闭，那么基因组中基因活性的可能模式数，或“状态”数，是 2^{80000} ，相当于 10^{24000} 。也就是说，人类细胞可以处于 10^{24000} 个基因活性状态中的任何一个。人类细胞的状态空间是 10^{24000} 。而自大爆炸以来，宇宙一共才经历了 10^{17} 秒。如果开启或关闭一个基因仅需 1 秒的时间，那么，到现在为止，人类细胞才经历了状态空间中微不足道的一小部分， 10^{-23983} ，尽管自爆炸以来它一直在马不停蹄地向前努力。

当然这绝不是细胞内所发生的，必然有某些东西限制着它们在状态空间的“流动”。事实上，限定它们流动的就是基因调节网络。通过基因调节网络，基因可以彼此相互开启和关闭。

有些非常好的工作表明，这样的网络存在于三个区域中：有



序区域、混沌区域以及介于有序和混沌之间的相变。所有的资料表明细胞演化到了有序区域中，但又非常接近混沌边缘。细胞群落则更靠近混沌边缘。细胞和细胞群落位于有序区域中，但又临近从有序到混沌的相变。这一假说就是候选定律^[1]。

为了更好地理解这个候选定律，我得首先向你们描述基因网络模型的结构和行为。由此才可以表征出有序区域、无序区域和混沌边缘。

看一个简单的例子，假设细胞只有三个基因 A、B、C。在这个最简单的布尔理想化模型中，三个基因中的任意一个都可以是开启的，或是关闭的。因此就有 2^3 ，即 8 个可能的基因活性状态：(000)，(001)，(010)，(011)，(100)，(101)，(110)，(111)。三个二进制符号依次代表 ABC 的活性状态。

对动力学系统最通常的描述就在于指定它的状态空间，然后辨别每一个状态变换到了哪一个或哪几个状态。对于一个决定性动力学系统，每一个状态都只能变换到一个特定的下一状态。而对于一个非决定性系统，一个状态可以变换到两个或多个状态，到底变换到哪些状态由随机过程决定，就像随手扔硬币一样。

图 8.1 给出的是一个任意的决定性状态空间。状态空间由三个基因 A、B、C 的 8 个状态组成。对每一个状态，我都随机地指定了它的下一状态。

图 8.1 显示了这个非常简单的布尔动力学系统的几个特征。首先，系统是并行处理的。在众多的状态转变中，至少有一个基因改变了它的活性值，要么从 0 变到 1，要么从 1 变到 0。其次，状态数是有限的，此处为 8 个。每一个状态有一个特定的下一状态。如果系统从任意初始状态开始变换，它会随着时间沿着状态轨道经历状态空间。既然状态数是有限的，那么轨道最终一定会经历它从前所经历过的轨道。而系统是决定性的，因此，一旦轨道重返了它从前所经历过的轨道，那么它一定会在状态空间重复



刚才的运动，我们称之为“状态循环”。

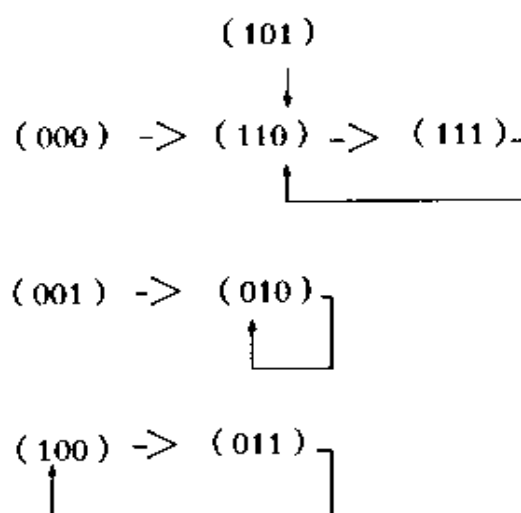


图 8.1 任意的决定性状态空间

一般来说，状态循环的长度可以是重返了它自身的一个单态，我们称之为“稳态”。状态循环的长度也可以是状态空间中的所有状态，此时状态空间中的所有状态都位于一个长的循环中，这个循环遍历了状态空间中所有的状态。当然状态循环的长度也可以介于这两个极限之间。

这样一个并行处理的布尔系统的另一个典型特征是至少有一个状态循环存在。在当前这个例子中，状态空间存在三个状态循环。状态循环又称为“吸引子”，因为它们可将其他状态吸引到它们中间来。这在第一个状态循环中可以明显看到，状态 (000) 和状态 (101) 倾向于状态循环，但并不处于循环中。这两个状态称之为“暂态”。暂态只是在流向状态循环吸引子的过程中出现，一旦到达了吸引子，假定系统没有微扰的话，它们便不再出现。

流向状态循环吸引子的状态加上状态循环合起来称之为吸引子的“吸引盆”。



吸引子共同构成了网络长期渐近变更的行为。若系统从任一初始状态开始，它最终一定会在它的某一个吸引子上结束循环。

这样，在具有分立值（即二进制值）的决定性网络中，每一个状态位于一个吸引盆中，于是吸引盆将状态空间分成了几组分离状态。

图 8.2 给出了同步布尔网络的另一个特征——同步指的是所有的二进制变量都在同一时刻改变了值。既然每一个状态都有一个特定的下一状态，我们就可列表写出所有的状态和它的下一状态。

T		$T+1$
(ABC)		(ABC)
(000)	→	(110)
(001)	→	(010)
(010)	→	(010)
(011)	→	(100)
(100)	→	(011)
(101)	→	(110)
(110)	→	(111)
(111)	→	(110)

图 8.2 从 T 时刻到 $T+1$ 时刻的状态改变

图 8.2 给出了每一状态从 T 时刻到 $T+1$ 时刻的状态转变。

图 8.2 也给出了顺序为 (ABC) 的三个基因的布尔规则，或布尔函数。布尔函数作为自身以及其他两个基因值的函数可以开启和关闭任一基因。

你们会发现基因 A 和基因 B 的布尔函数依赖于所有三个基因 A、B、C。而基因 C 的布尔函数只依赖于基因 A 和基因 C，与基因 B 无关。这就是说，一旦 T 时刻 A 和 C 的活性确定，那么 C 在 $T+1$ 时刻的活性就与 B 在 T 时刻是开启（为 1）还是关闭（为 0）无关。假如 C 的布尔函数为： $C = (\text{not} A) \cup (\text{not} C)$ ，这意

意味着如果在 T 时刻 A 没有活性，或 C 没有活性，或两者都没有活性，那么基因 C 在下一时刻就会开启。

从图 8.3 可以看出，当我们像简化基因 C 一样，简化了所有基因的布尔表达式后，我们可以写出三个基因间的输入“线路图”。因为 A 和 B 依赖于二个基因，因此它们各自都得从三个基因中获得调节输入，而基因 C 只须从它本身和基因 A 中获得输入。

T	$T+1$	$T+1$	$T+1$
ABC	A	B	C
(000)	1	1	0
(001)	0	1	0
(010)	0	1	0
(011)	1	0	0
(100)	0	1	1
(101)	1	1	0
(110)	1	1	1
(111)	1	1	0

图 8.3 3 个基因间的输入线路图

图 8.4 和图 8.3 分别给出了每一个基因的输入以及它开启和关闭的逻辑函数或布尔函数。因此图 8.1 和图 8.3 就是一个基因的基因网络。

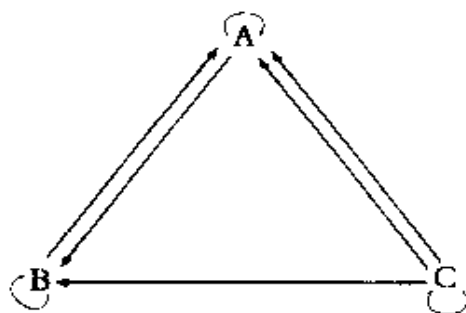


图 8.4 基因网络



秩序，混沌和混沌边缘

经过许多科学家 30 年来的努力，已经从最初的同步布尔网络发展到一个更广区域的基因模型系统，在其中的某些模型中，当基因的输入逐渐上升或下降时，基因能给出连续的分级活性。所有这些都归结为一点：存在三种行为区域。网络有许多非常简单的性质，包括网络的连通性以及布尔函数的一些倾向等，它们控制着网络位于哪一个区域中。

有序区域

图 8.5 是一个假想图片。图 8.5a 假想网络位于有序区域中。让网络从任意的初始状态开始，然后流经一条轨道进入一个状态循环吸引子。如果基因在闪烁，也就是快速地开启和关闭，我们将它标记为绿色。如果基因能很长时间冻结在活性态或非活性态，如 50 个暂态左右，我们将它标记为红色。一旦系统处于状态循环，那么状态循环中快速开启和关闭的闪烁基因就是绿色的，而那些冻结在开启或关闭状态的基因就是红色的。

最初当系统从某个随机的初始状态开始后，大多数基因都在闪烁，因此基本上都是绿色的。随着网络向状态循环的逼近，越来越多的基因变成红色，冻结在开启或关闭状态。当系统到达状态循环吸引子后，绝大多数的基因都是红色的了（如图 8.5a）。

最为关键的是，如果你观察红色基因的子系统，你会发现它们形成了一个巨“覆盖簇”，其大小与整个网络的大小成线性关系。事实上，冻结的红色组分是一个“冻结的红海”，它几乎覆盖了整个网络，只留下些许孤零零的闪烁基因之岛。

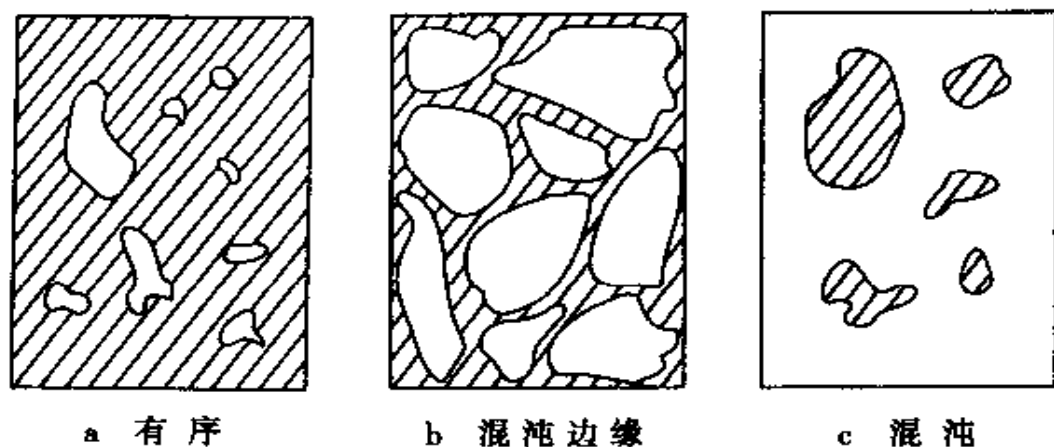


图 8.5 布尔网络中的有序、混沌边缘和混沌的示意图。在这个示意图中，基因的开关发生在二维晶格内，这样，每一个基因就可以从它的四个近邻获得输入。网络起始于某个初始状态，让网络沿着它的轨迹运行一段时间之后，将那些快速开关的基因标记为绿色，而将那些活性冻结在开或关的稳定态的基因标记为红色。在有序区域中，一个相互联系红色的冻结之海覆盖着整个网络，只留下些许绿色的闪烁之岛，有序区域红色的冻结之海用阴影线表示，而闪烁的绿岛用白色表示；在混沌区域中，一个闪烁的绿色海洋覆盖着整个系统，只留下几座冻结的红色孤岛；而在混沌边缘，也就是相变处，闪烁的海洋全都分裂成大大小小的闪烁之岛。整幅图给人的感觉是最复杂的行为发生在有序区域中，但又临近混沌边缘。

混沌区域

在混沌区域中，同样的图片表明，绝大多数基因都为闪烁的绿色基因（图 8.5c）。因此，一个巨大的闪烁的绿海覆盖着整个网络，只留下几座冻结的红色孤岛。



混沌边缘

当把网络参数（下面将会谈到）从混沌区域调到有序区域时，被绿色覆盖的海洋将会变小，并最终分裂成两个或两个以上的绿色孤岛。从绿海到绿岛的分裂构成了从混沌到有序的相变。这种相变有时称为混沌边缘（如图 8.5b）。

有几个重要的特征可以区别有序和混沌。在有序区域中，状态循环吸引子的长度用基因数的多项式标度。而对于那些虽然处在有序区域中，但又临近从有序到混沌的相变的吸引子长度，则满足普适标度，即状态循环中的状态数用基因数的平方根标度。这种标度是我在 30 年前首次发现的，不过直到现在仍让我为之震惊。如果说人类基因组有 8 万个基因，那么它的状态空间有 2^{80000} ，约 10^{24000} 个状态。如果人类基因组系统存在于有序区域中，但又临近从有序到混沌的相变，它将会稳定在 8 万个状态的平方根，约 270 个状态中循环。270 个状态相对于 10^{24000} 而言已经是一个小得不能再小的数字了。我相信正是有序区域中的井然有序才使细胞免于永远不停地游荡在它们的状态空间中。事实上，一个细胞要花 1~10 分钟才能开启或关闭一个真核基因，因此，一个细胞要花 270~2700 分钟，相当于 4.75~48 小时才能遍历它的状态循环吸引了。这与生物学上的结论也大致相符。比如说，我们已经知道不同人类细胞类型的细胞分裂周期为 8~48 小时。

混沌区域中状态循环的长度用网络大小的指数关系标度。在混沌区域中，最混沌的情形莫过于为每一个状态都随机指定其下一状态。一般来说在这种情况下，每一个基因都是所有 N 个基因的布尔函数，状态循环的长度就是状态空间中状态数的平方根。人类基因组有 10^{24000} 个状态，那么其状态循环的长度就是 10^{24000}

的平方根，有 10^{12000} 个状态。记住，自大爆炸以来，宇宙一共才经历了 10^{17} 秒，而状态循环吸引子的长度居然为 10^{12000} ？谢天谢地，幸好我的体内没有这样的吸引子。

在我最开始写的两篇有关随机布尔网络的文章中——那都是 1967 年和 1969 年的事了，我画出了一些有机体的细胞周期长度，如细菌、酵母菌、蠕虫、植物、简单和复杂的动物等。这些渐次变得复杂的有机体，其细胞内的 DNA 和基因数也在逐渐增加。如果布尔网络理论是对的，如果细胞周期是状态循环次数（基因数的函数）的代表，那么细胞周期就可用基因数的平方根标度。这个预言是很有道理的。事实上，中等大小的细胞周期时间与细胞中总的 DNA 的比值就是一个平方根函数，不论是从细菌还是到人类细胞都是如此。

但要提醒大家：细胞内的基因数并不一定与 DNA 数成正比。有些 DNA 是“无用”^① 的。目前，许多有机体内每个细胞中的基因数都是可以估计的。基于此，细胞周期时间可以用细胞中可估计到的基因数的介于平方根函数与线性函数（正比关系）之间的某个标度关系标度。因此无须借助于自然选择来调节结构和逻辑，随机布尔网络理论已经可以很好的吻合这些数据了。

区别有序与混沌的第二个重要特征是，当单个基因的活性发生暂时性反转时将有不同的事情会发生。我要补充说明的是，这种暂时性的反转随时都会在正常发育中发生。比如，一个单激素先进入了细胞，然后是细胞核，然后结合核内的遗传位点，并暂时性地改变了某个基因的活性。显然，如此会造成基因活性改变的级联，这些级联可以指导发育和细胞分化。在有序区域中，这种级联比较小。在混沌区域中，这种级联非常庞大。在真实的细胞中，这种级联往往比较小，而且我们甚至还可以预测它们的大

① 无用 DNA：不包含或含有极少基因的成分，不编码蛋白质。——译者注



小分布。

下面让我们来定义一种遭受损坏的基因。如果一个基因的活性在某一时刻发生了反转，而这个基因的行为不是使其免受微扰，我们就说这个基因被损坏了。事实上，损坏意味着对一个基因的微扰影响着该遭受微扰的基因的行为。不妨将受损基因标记为紫色。如果一个基因一旦出现行为异常，就将它标记为紫色，也不管它是否已经停止了行为异常，还是将保持行为异常。

给出了损坏的定义之后，我们进一步来考虑两个完全一致的网络，它们都处于相同状态，并以相同的速度运作。现在随机选出一个模型基因。如果它开启，就将它关闭，如果它关闭，就将它开启。既然你已经破坏了它，因此就将它标记为紫色。

现在来看一着这受了微扰与没受微扰的两个网络。如果基因在受了微扰的网络中的行为与在没有受到微扰的网络中的行为不同，就将它标记为紫色。一般来说，你会看到一个紫色的雪崩从最初一个受到微扰的基因传播开来。紫色雪崩会以某种方式一直传播，但最终会停止。比如说，传播到了极限情况，所有的基因都变成了紫色。这样，我们可以将损坏雪崩的大小定义为变成紫色的基因数，即至少有一次行为出现异常的基因数。

在有序区域中，有一些意想不到的事情发生了。如果某一个冻结的红色基因受到了微扰，一般是没有雪崩会从这个紫色基因传播开来的。就算出现了雪崩，也是微不足道的。

相比而言，如果某一绿色孤岛中的一个闪烁基因受到了微扰，变成了紫色，那么一个紫色雪崩就会覆盖这个岛上的某些或所有闪烁基因，但雪崩会最终停止在绿色孤岛的边缘上，因为这种损坏雪崩不能穿过冻结的红色海洋传播。

因为紫色雪崩不能穿过冻结的红色海洋传播，所以绿色的孤岛彼此在功能上也很独立。于是乎在有序区域中出现了一种特征性的雪崩大小分布，它与混沌区域中的分布是完全不同的。



图 8.6 是一个处于有序区域中，但又临近混沌相变的网络的雪崩分布示意图。图中， x 轴表示雪崩大小的对数值， y 轴表示与每一雪崩大小相应的雪崩数的对数值。你会发现，在这个双对数坐标图中，其大小分布几乎是一条直线，并斜向右下角倾斜。因此，这个分布是一个幂律分布，其中有许多小的雪崩和少数大的雪崩在网络中传播。而且，分布中还有一个有限截断，这说明，存在一个最大尺寸的雪崩，它可以用网络中整个基因数的平方根函数标度。在有序区域中越是有序，就向下倾斜得越陡，当然雪崩的大小分布仍是幂律分布，这只是说大尺寸的雪崩变得更少了。

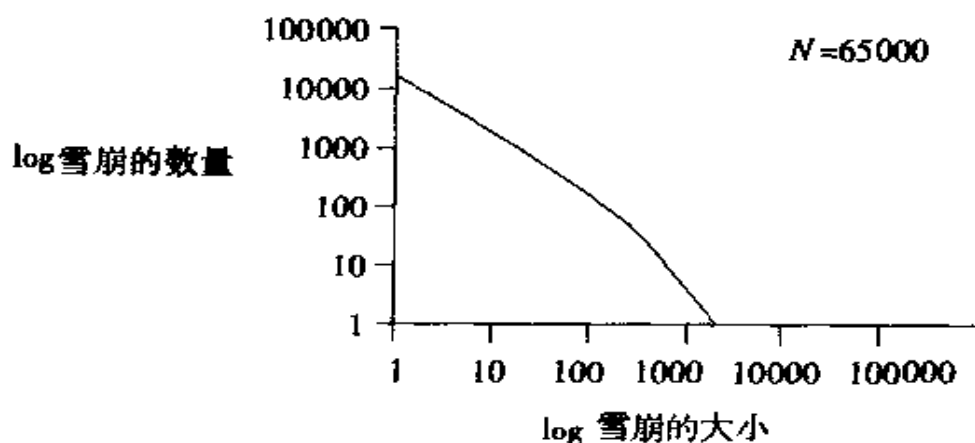


图 8.6 有序区域中雪崩的幂律分布。幂律分布是通过反转一个随机选择的基因的活性而得到的。在这个模拟基因网络中，有 65000 个基因，大致相当于人类细胞的 8 万~10 万个基因。分布中给出了最大雪崩的一个有限截断，最大的雪崩约为系统中基因数平方根的 2~3 倍。

如果人类基因组处于有序区域中，但又临近混沌相变，并包含了差不多 10 万个基因，那么最大的雪崩大约是基因数平方根的两倍，即 $2 \times 317 = 634$ 个基因。这大致是正确的。在果蝇中，



果蝇大约有 16000 个基因，那么最大的雪崩就应该是 16000 的平方根的两倍，即 $2 \times 127 = 254$ 个。当蜕皮激素作用于唾腺后，会使得多线染色体中大约 155 处出现“疏松”，我认为此时最大的雪崩就能发生。如果每一个疏松是一个基因，就像大多数遗传学家所认为的那样，那么蜕皮激素就会造成一个使 155 个基因活性发生改变的雪崩。

没有相应的数据表明是否真实有机体内的雪崩大小分布也是幂律的，也没有相应的数据表明是否最大的雪崩可以用有机体内基因数的平方根函数标度，但这些假设都可以用今天的实验技术加以检测。

而且，这些预言也确实符合一个生物学家的期望。大多数基因受到微扰后，要么根本不会造成雪崩，要么造成一些小的雪崩，很少有基因可以造成大雪崩的。当单个基因的活性发生暂时性改变后，不少基因至多只是有待改变。有序区域中这种并行处理网络的典型行为，或“属性”行为与已知数据吻合得相当好，而且也符合我们的直觉。

混沌区域与有序区域截然不同。它的行为在生物学上简直是不可理喻的。混沌区域与有序区域之所以不同，理由很简单。在混沌区域中，遍布着闪烁的绿海。如果有一个绿色基因受到了微扰并变成了紫色，那么这种微扰通常会造成一个紫色雪崩，紫色雪崩在大部分绿海中传播。巨受损雪崩也会因为单个基因受到微扰而形成。

这些巨雪崩实质上就是著名的“蝴蝶效应”^① 的反映。蝴蝶

^① 美国麻省理工学院教授、混沌学开创人之一 E·N·洛伦兹，在计算机上用他所建立的微分方程模拟气候变化的时候，偶然发现输入的初始条件的极细微的差别，可以引起模拟结果的巨大变化。洛伦兹打了个比喻，即在南半球巴西某地一只蝴蝶的翅膀的偶然扇动所引起的微小气流，几星期后可能变成席卷北半球美国得克萨斯州的一场龙卷风，这就是天气的“蝴蝶效应”。 译者注

效应常见于天气中，说的是某一地方一开始比较小的改变会造成大规模的影响。简而言之，传播中的紫色雪崩构成了“对初始条件的敏感性”。另一方面，区别低维混沌与高维混沌是很重要的，低维混沌是指由 3~4 个方程决定了 3~4 个变量，而高维混沌一般出现在大型基因网络模型中，有着成千上万个基因变量。高维基因网络用二进制变量模拟，混沌就以巨损坏雪崩的形式出现，这种雪崩能从网络模型中的一个变量传播到多个变量。

图 8.7 是混沌区域中雪崩大小分布的示意图。混沌区域不像有序区域，它有一个像脉冲一样的巨雪崩，其中包含了 30%~50% 的受损基因。在细胞中，这相应于改变了单个基因活性的一个激素，或是相应于改变了活性的 3 万~5 万个基因，这实际上根本不会发生。

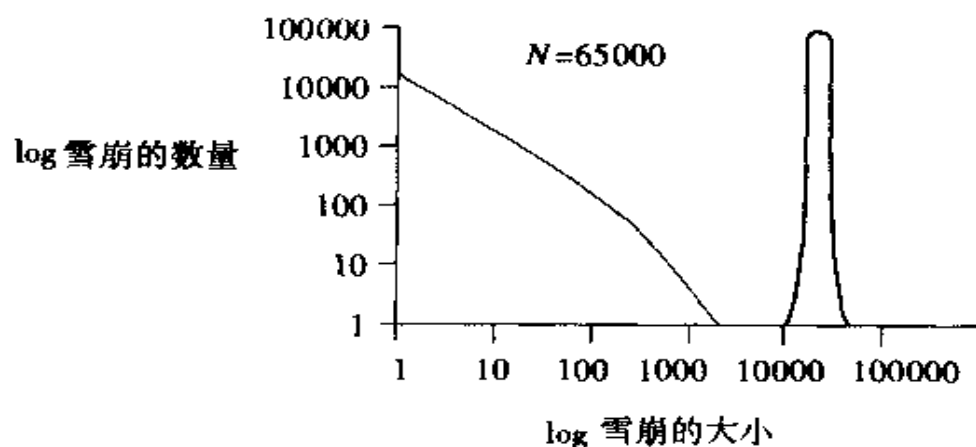


图 8.7 混沌区域中的雪崩分布。在这个分布中除了有幂律分布外，还有一个巨雪崩的尖峰，其中包含了 30%~50% 的基因。在混沌区域中，最大的雪崩用网络中的基因数标度（即 65000），而不是用网络中基因数的平方根标度。

然而，在混沌区域中，除了直冲云霄的巨雪崩之外，还有和有序区域中一样的一个小的雪崩大小的幂律分布。这些小雪崩很可能发生在靠近冻结的红色孤岛的细长“海岸线”上的绿色基因



受到了微扰之时，因此紫色雪崩被限制在了红色的海岸线上。

区别有序与混沌的第三个特征是，在状态空间中流动的趋同与趋异，这个特征对我们下面的讨论非常重要。在有序区域中，状态空间中最开始比较靠近的状态都将位于趋同的轨道上。在混沌区域中，最开始比较靠近的状态往往会位于状态空间中趋异的轨道上。在混沌边缘，状态空间中最开始比较靠近的状态将既不会位于趋同的轨道上，也不会位于趋异的轨道上。

这些行为很直观地表现在下面的图中，我称之为“Derrida 曲线”，因为它是法国萨克莱（Saclay）研究中心的物理学家伯纳·德里达（Bernard Derrida）首次示与我看的。1985 年德里达和泡缪（Pomeau）首次发现了有序、混沌以及它们之间的相变的分析证据。

考虑布尔网络的两个状态，每个状态含有 5 个基因，其下一状态也已给定：

状态 1 (00000) $\rightarrow$ (00110) 状态 1'

状态 2 (00001) $\rightarrow$ (10101) 状态 2'

我们可以定义状态 1 和状态 2 之间的“汉明距离”（Hamming distance），即两个状态间相区别的 二进制变量数。此时状态 1 和状态 2 的汉明距离为 1，因为只有第 5 个基因不同，在状态 1 中是 0，在状态 2 中是 1。而且，我们将 t 时刻两个初始状态间的归一化汉明距离 D_t 定义为它们间相区别的 二进制变量所占的份数，此处 $D_t = 1/5 = 0.2$ 。同样，我们也可以定义 $t+1$ 时刻的两个状态间的归一化汉明距离，在上例中， $D(t+1) = 3/5 = 0.6$ 。

然后我们比较 D_t 和 $D(t+1)$ 的大小，看看 T 时刻的初始距离在 $T+1$ 时刻是减少了还是增加了。在这个例子中，初始距离从 0.2 增加到了 0.6。也就是说两个最初比较靠近的状态（它们仅有一个基因的活性不同），在下一时刻却分得越来越开。事实上，这种分开是紫色的损坏雪崩传播的第一步。

为了表征有序和混沌的布尔网络，一种简单的做法便是随机



地取出成千上万对有着不同初始距离 D_t 的状态对, D_t 可以在 $0.0 \sim 1.0$ 之间变化。对每一对初始状态, 将布尔网络向前推进一个时刻, 找到两个初始状态的下一状态, 并计算出这一对初始状态的 $D(t+1)$ 。在每一个初始距离 D_t 处, 对所有成千上万对的初始状态求 $D(t+1)$ 的平均值。图 8.8 给出了其结果。

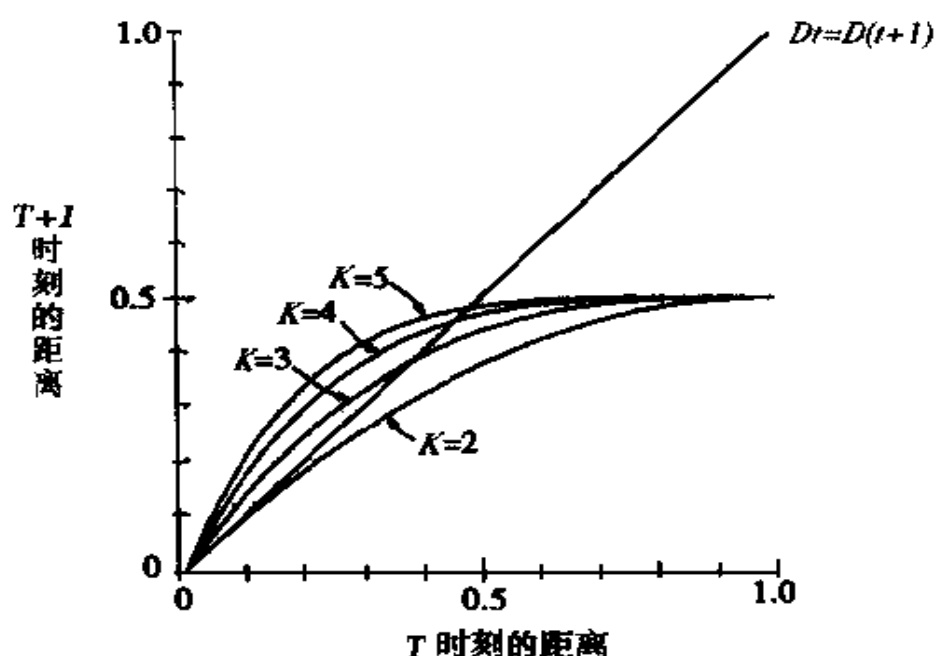


图 8.8 Derrida 曲线。图中给出了 T 时刻两个状态之间的归一化距离 D_t , 以及 $T+1$ 时刻两个状态之间的归一化距离 $D(t+1)$ 。主对角线为 $D_t = D(t+1)$, 它表示两个初始状态位于状态空间中既不趋同也不趋异的轨道上。 K 为每个基因的输入数, 如果 $K > 2$, 当两个初始状态之间的初始距离 D_t 比较小时, Derrida 曲线位于主对角线之上。这相应于雪崩发生的第一步, 也是出现混沌行为的特征, 即对初始条件的敏感度——蝴蝶效应。如果 $K \leq 2$, 对所有的初始距离 D_t 来说, Derrida 曲线都位于主对角线之下, 这相应于状态空间中的趋同。 $K=2$ 对应出现混沌的相变。



如图 8.8，其中 x 轴代表 D_t ， y 轴代表 $D(t+1)$ 。若一对初始状态的 $D_t=0.1$ ，而下一状态分开了， $D(t+1)=0.2$ ，于是可用 $x-y$ 平面中 $(x=0.1, y=0.2)$ 这一点表示。计算所有不同的初始距离处的所有不同初始状态对的平均值就得到整个网络的平均复现图 (recurrence map)。

在图 8.8 中，起始于左下角、倾角为 45° 的主对角线相应于 $D_t=0$ 、 $D(t+1)=0$ ，即 $D_t=D(t+1)$ 的情况。主对角线上的点表示初始状态间的距离与下一状态间的距离相等，两个初始状态位于状态空间中既不趋同也不趋异的轨道上。

在混沌区域中，最初靠近的状态将位于状态空间中继续分开的趋异轨道上，因此初始距离比较小的，其复现图位于主对角线之上；而初始距离比较大的，即使网络仍处在混沌区域中，其状态也往往位于趋同的轨道上。当 D_t 比较小时，Derrida 复现曲线位于主对角线之上的高度可用于测量网络处于混沌区域中的混沌程度。混沌程度越高，两个靠近的状态（即较小的 D_t ）就会越发趋异，此时复现曲线将远远高于主对角线。

相比之下，在有序区域中，如图 8.8，对于小的 D_t ，其 Derrida 复现曲线位于主对角线之下，这说明两个最初靠近的状态将位于越发趋同的轨道上。在有序和混沌的相变处，Derrida 复现曲线起始于 $D_t=0$ 处，与主对角线相切，然后随着 D_t 的增加，开始位于主对角线之下。

总的来说，在有序区域中，靠近的状态往往位于状态空间中趋同的轨道上。相变处，靠近的状态位于既不趋同也不趋异的轨道上。在混沌区域中，靠近的状态位于趋异的轨道上。

下面我将要讨论，是否自主主体、自主主体群落也在这样演化，以使得它们虽位于有序区域中，但又临近从有序到混沌的相变。我如此想是有我的道理的。因为在这种情况下，自主主体在状态空间的流动是略微趋同的。反过来，这又可以使得自主主体

获得最大数量的可靠区别与可靠行动，从而玩最复杂的自然游戏，并以此谋生。

区别有序和混沌的三个特征可以通过很好的数据使人信服。也就是，当下面所要讨论的参数从混沌到有序加以调节以使得绿海分裂成绿岛时，与此同时，对于小的 Dt 值，Derrida 曲线将会从混沌区域转向与主对角线相切。在这个切点上，状态循环的长度从用基因数的指数标度转向用基因数的多项式标度。

至少有三个简单的参数调节着网络是位于有序区域中，还是位于混沌区域中。因此很重要的一点是，通过调节这三个参数中的任何一个，演化可以轻而易举地将基因组系统调节到有序区域中，或混沌区域中。尤为重要的是，演化似乎已经这么做了，并且已经将细胞调节到了有序区域中。既然细胞是我们惟一的演化自主主体的例子，那么这些数据便支持了我的第一个候选法则——自主主体和自主主体群落可以演化到有序区域中，并临近从有序到混沌的相变。

三个调节参数中最简单的参数是每个基因的输入数 K 。如果 $K \leq 2$ ，网络就位于有序区域中，1967 年我从数值上给出了这一结果，1985 年德里达和泡缪用分析的方法也给出了这一结果。德里达和泡缪同时指出，若 $K = 2$ ，网络正好处在混沌边缘的相变处，若 $K > 2$ ，网络处于混沌区域中。

这些结果确实值得我曾经为之付出的努力。因为结果表明就算网络的逻辑是随机选定的，它在行为上也能具有完美的秩序。比如，随机构建具有 1 万个基因的网络，只须限制每一个模型基因的输入为 $K \approx 2$ ，而且线路图也是随机选定的，又因为输入为 $K = 2$ ，则有 16 种可能的布尔函数，从这 16 种可能的布尔函数中随机指定一个给每一个基因，但一经指定，便不再改变，于是这具有 1 万个基因的网络就有 2 万条线连接着每一个基因，不可思议的是，这像意大利式细面条一样的网络最终却可以理清自己。



系统最后会稳定在 2^{10000} ，约 10^{3000} 个状态中的 100 个状态中循环。我一向认为秩序出自于自由，选择并不需要与所有奇怪的事情作斗争才能获得行为上井然有序的细胞，这种秩序往往会朝着更加精湛的选择发展。

当 $K > 2$ 时，还有另外两个参数可以调节网络从混沌到有序。两者都与布尔函数有关。有数据表明，真实的细胞可以与其中一个参数吻合得非常好，我称之为“导向 (canalyzing) 布尔函数”。我会在后面讨论这种导向布尔函数。

第一个参数用德里达和他的同事们所称之为的“参数 P ”表征。考虑图 8.3 中基因 A 的布尔函数，它有 5 个 1 和 3 个 0。参数 P 定义为绝大多数的事例数与总的事例数的比值，如基因 A 的 $P = 5/8$ 。对基因 B，布尔函数有 7 个 1 和 1 个 0，因此 $P = 7/8$ 。对基因 C，有 6 个 0 和 2 个 1，其 $P = 6/8$ 。

按 P 的定义，布尔函数的 P 值为 $0.5 \sim 1.0$ ，即绝大部分的事例数可以从占据整个事例数的一半到占据所有。德里达和他的同事们指出，当 $K > 2$ 时， P 可以从 0.5 向上调节到某个临界值 P_c ，在临界值处，网络从混沌变为有序。临界值 P 作为 K 的函数已表现在图 8.9 中。在 PK 平面中，沿着相变可以得到循环长度的普遍标度性，即循环长度用基因数的平方根函数表示。

布尔函数中的第二个参数便是导向布尔函数。如图 8.3 中的基因 C。如果基因 A 的活性为 0，那么基因 C 在下一时刻一定是 0，不论基因 B 或基因 C 的活性是多少。如果基因 A 为 1，那么基因 C 在下一时刻可以为 0 也可以为 1，这有赖于基因 C 自身的前一个状态。

基因 C 受导向布尔函数的制约。导向布尔函数至少有一个输入值足以决定被调节基因的下一个状态，也不管其他的输入值为多少。经验证，如果 A 为 0，就可以保证 C 在下一时刻为 0，因此 C 的布尔函数是具有导向性的。我称 A 为 C 的导向输入。注

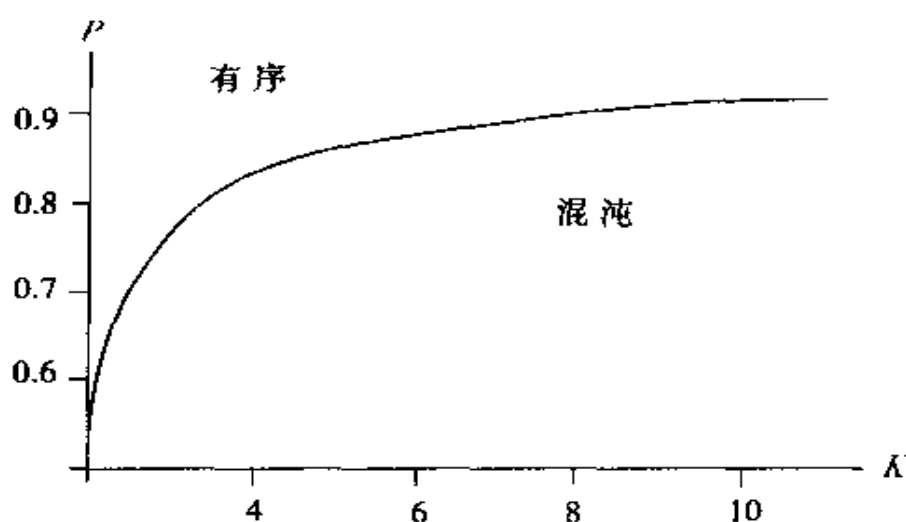


图 8.9 当网络中每个基因的输入数 $K \geq 2$ 时, 通过选择布尔函数, 可以使网络从混沌区域变到有序区域。图中给出的是 PK 平面中有序与混沌之间的相变边界。

意, 基因 C 也是它自身的导向输入。

下面看一看图 8.3 中基因 B 的布尔函数。如果基因 A 为 1, 那么基因 B 在下一时刻一定为 1, 也不管 B 和 C 的活性是多少, 因此, A 是 B 的导向输入。如果 B 为 0, 也可以保证 B 在下一时刻一定为 1, 因此 B 也是它自身的导向输入。同样, 如果基因 C 为 0, 那么基因 B 在下一时刻一定是 1, 因此基因 B 有三个导向输入。而图 8.3 中的基因 A 没有一个导向输入, 因此它不是一个导向布尔函数, 没有单独的 A 或 B 或 C 足以确定基因 A 在下一时刻的活性。

一般来说, 有 K 个输入的布尔函数可以有 $0, 1, 2 \dots K$ 个导向输入。有数据表明, 若每个基因的输入 $K > 2$, 那么, 基因中有很大部分都会有足够多的导向输入推动网络从混沌变为有序。图 8.10 给出了 CK 平面的相变曲线

在回到对生物学问题的讨论之前, 有必要强调的是上述结果是针对同步布尔网络而言的, 当然我们也可以推广到非同步布尔

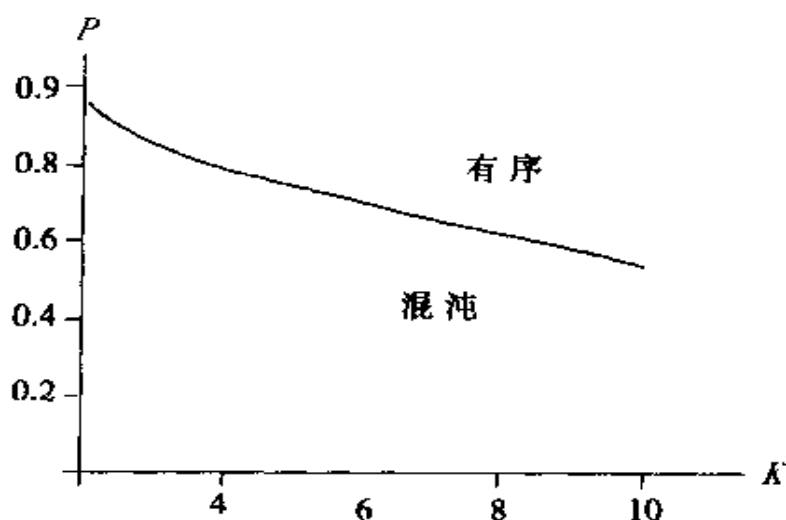


图 8.10 当网络中每个基因的输入数 $K \geq 2$ 时, 通过选择具有较多导向输入的布尔函数, 网络从混沌区域向有序区域的转变。图中给出了 (K, P) 平面中有序和混沌之间的相变。真核细胞似乎就是利用这种导向函数使得细胞处在有序区域中的。

网络, 或是基因有着分级活性的这样一簇模型基因网络。但要注意, 开-闭 (on-off) 的布尔理想化是很严格的。真实的基因也显示了分级的活性 (这种活性是反式作用输入的浓度和顺式调节基因座的束缚态的函数)。如果说我们的结果不堪一击, 原因就在于布尔的开-闭理想化处理, 于是我们不能完全利用这些结果来获悉真实的细胞。格纳斯 (Glass) 和希尔 (Hill) 已检测过一种有着连续分级基因活性的模型, 即“分段线性模型”, 并发现了同样的定性行为。尤其是, K 、 P 对 C 的函数的同样相变也发生了。然而, 它们的明显不同之处在于分段线性模型在有序区域中更加有序, 而且闪烁的绿岛会停留在不同吸引子的不同稳态上。在临近从有序到混沌的相变处, 绿岛开始呈现持续的“极限环”^①

① 人们比较熟悉的吸引子是不动点和极限环。不动点表明系统将趋向定态, 而极限环是一种周期运动的模式。——译者注



(limit cycle) 振荡，从而在混沌区域中变得越发混沌。

这样，有很好的数据表明有序、混沌以及介于它们之间的相变可以表征各种不同类型的并行处理的非线性动力学系统。

生物学

真实的细胞又是怎样的呢？我们没有任何结论性的证据，有的只是大量能说明问题的线索。尽管连我自己都没法完全相信我所说的，或许我还有那么一点偏见，然而，我却越来越自信细胞，也许细胞群落确实生活在有序区域中，但又临近混沌边缘。不仅有证据可以说明这一点，而且细胞也应该生活在混沌边缘。为什么？就像前面说的，直觉。细胞是自主主体，它们作为生活在群落中的个体，必须创造最大数量的可靠的区别，并且还可靠地作用在这些区别之上，无须“颤抖的手”。而混沌边缘似乎是它们的一个理想处所。

直觉上，状态空间中略微趋同的流动可以允许分类存在，因为当两个状态趋向于同一个下一状态时，这两个状态可以通过网络归为“等同”一类。在噪声环境下，略微趋同的流动似乎可以创造可靠分类的最大值。趋同流动可以减缓系统的环境噪声。

有了颤抖的手会怎么样呢？没有一个点可以做出出色的辨别。看见雄鹿，拔出弓，装上箭，最后却射中了自己的脚。再次强调，在状态空间中略微趋同的流动可以减缓内外噪声，这似乎太理想化了。

细胞又是怎样呢？我的同事史蒂文·哈里斯 (Steven Harris)、布鲁斯·索希尔 (Bruce Sawhill)、安德鲁·温启 (Andrew Wuensche) 和我在过去的几年里开展了这样一项工作，我们分析了从各种真核有机体中提取的真核基因的基因调节规则，如酵母菌、果蝇、玉米、老鼠等，其结果显示了一个对基因非常有利的



统计学倾向，它是由导向布尔函数不成比例地决定的。当我们构建了导向函数的模型网络后，按照 Derrida 曲线和上述其他标准，这样的网络基本上位于有序区域中。

这些工作都是几年前在圣菲研究所开展的。史蒂文·哈里斯是一位来自得克萨斯州的分子生物学家，当时他正在访问圣菲。我告诉了他有关导向函数的事。“从未听说过，”史蒂文说道。看见机会来了，我接着说，“你有一个非常好的遗传文库，是否想过读一大叠论文，然后用三五个已知的调节输入分析基因的转录规则？”

我以为史蒂文不会回答“是”，因为在未来的几年里读上百篇论文，然后将烦琐的结果编目归类将是一项艰巨的任务。

“当然可以，”他回答。

几个月以后，史蒂文打电话给我，“嗨，对于输入为 $K=3$ 的基因，其结果非常有意思！真的存在导向函数。”

“不可思议，”我说。

“我会把数据传送给你的，”他说。

史蒂文非常认真地阅读了大约 60 篇有关输入为 $K=3$ 的可调型基因的文章。若将反式作用因子与顺式作用位点真正地结合起来，并开启转录，在这个层次上是很容易获得这些数据的。按照布尔理想化，对于输入为 $K=3$ 的基因，有 2^3 ，即 8 个可能的开-闭状态。实际上，通过充分运用所有的事例，史蒂文得到了很好的有关这 8 个输入状态的数据。他承认布尔理想化存在问题，但也发现在许多情况下，基因对输入的反应不是线性的。基因 A 可能被因子 1 开启了 10%，被因子 2 开启了 5%，但能被两个因子在相同浓度下开启 95%。这看起来有点像布尔“与”函数，仅当两个输入都“开启”时，可调型基因在下一时刻才会“开启”。

我们需要一些数学证明。输入为 K 的布尔函数有 2^{2^K} 个。当 $K=2$ 时，有 16 个布尔函数；当 $K=3$ 时，有 256 个布尔函数；



当 $K=4$ 时，有 65536^① 个布尔函数；当 $K=5$ 时，几乎有上百亿个布尔函数。

输入为 K 的布尔函数可以有 0, 1, 2... K 个导向输入。但是，随着 K 的增加，对 1 个或多个输入具有导向性的布尔函数的数目会急剧下降，如图 8.11。 $K=2$ 时，16 个布尔函数中有 87.5% 具有导向性，但 $K=3$ 时，256 个布尔函数中只有 43% 具有导向性， $K=4$ 时，65536 个布尔函数中只有 4% 具有导向性， $K=5$ 时，上百亿个布尔函数中不到 1% 具有导向性。

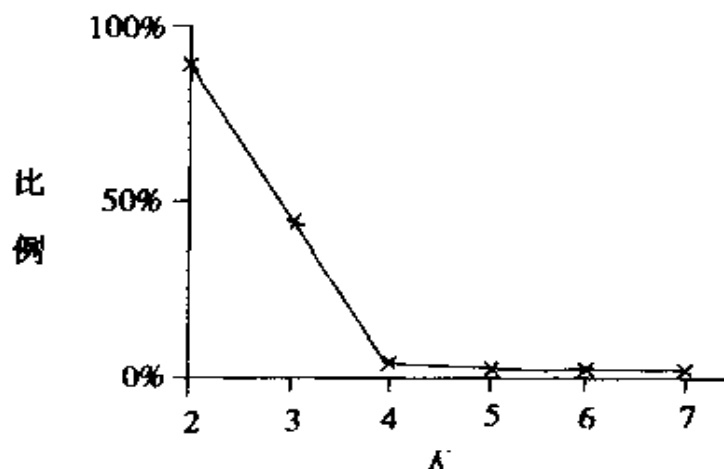


图 8.11 随着 K 的增加，对 1 个或多个输入具有导向性的布尔函数所占的比率会急剧下降，一直从 87.5% 下降到 4%，甚至更少。输入为 K 的布尔函数有 2^{2^K} 个，也就是说， $K=2$ 时，有 16 个布尔函数； $K=3$ 时，有 256 个布尔函数； $K=4$ 时，有 65536 个布尔函数；等等。

这种变化意味着我们可以检测所抽取的真核基因样本中是否存在导向性。具体地说，在 $K=3$ 的 256 个布尔函数中，43% 都有导向输入，而且在这些导向布尔函数中，有 1、2、3 个导向输入的布尔函数所占的比例也在逐渐下降，如图 8.12。

① 原文为 65353。 译者注

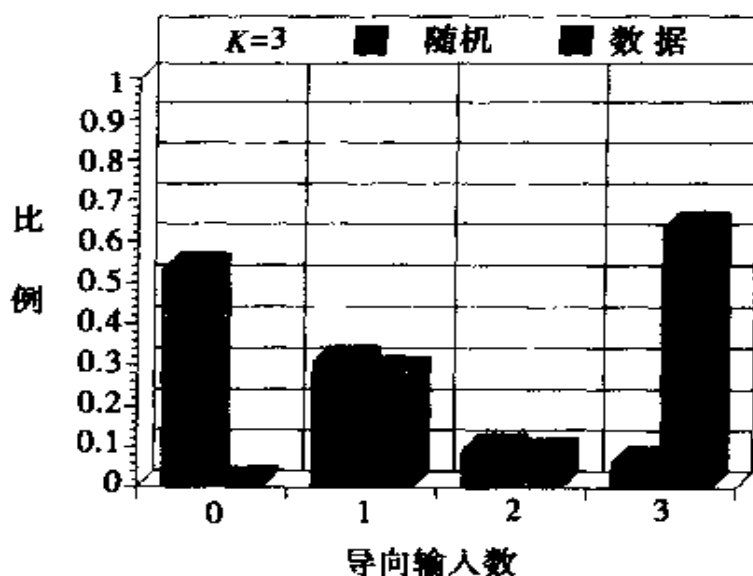


图 8.12 图中给出了真正观察到的调节输入为 $K=3$ 的 53 个真核基因的导向输入数，以及我们所预期的，当 $K=3$ 时，从 256 个布尔函数中通过随机抽取这种基因调节规则所得到的导向输入数。当每个基因都有三个导向输入时，真正观察到的导向函数所占的比例要远远大于所预期的。图中结果完全具有统计意义。

图 8.12 也给出了真正观察到的输入为 $K=3$ 的真核基因所占比例的情况。真正观察到的比例与通过调节布尔规则所得到的比例恰好相反——布尔规则是指随机从 256 个布尔函数中抽取。事实上，在所观察的事例中差不多 65% 都有 3 个导向输入，而采用随机布尔规则时，仅有 8% 有 3 个导向输入。

并不需要借助多少统计知识，我们可以一目了然地发现所观察到的分布会陡然增加到使每个基因中都具有较多的导向输入。图 8.13 也给出了类似的结果，图中是输入为 $K=4$ 的基因。我们看到，再次出现了使基因调节到具有较多的导向输入的情况，并具有统计学意义。 $K=5$ 和 $K=6$ 的基因，所给出的数据也会出现同样的情况，只是其事例数太少，不具有统计学意义。

现在继续往下分析。回顾参数 P ，网络若具有很高的 P 值，

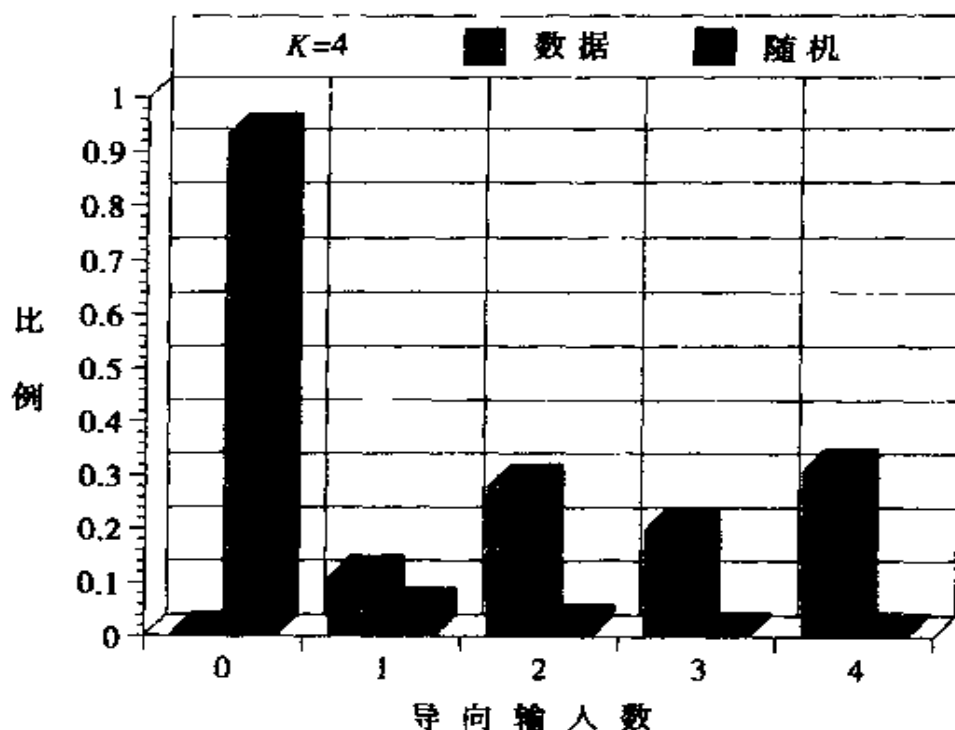


图 8.13 与图 8.12 类似，只不过图中数据给出的是 $K=4$ 时的 27 个真核基因。同样，与从 $K=4$ 的布尔函数中随机抽样相比，真正被调节的基因倾向于朝着具有较多导向输入数的方向变化。结果具有统计意义。

就说明大部分的基因都被它们的输入要么开启要么关闭，那么这样的网络一定位于有序区域中。而且，具有很高的 P 值的布尔函数与具有 1 个或多个导向输入的布尔函数之间有重叠性，不具有同一性。当我们分析我们的基因样本时，与输入为 $K=3$ 或 $K=4$ 的布尔函数的随机分布相比，它们也具有很高的 P 值。

为了辨别我们所观测到的数据是倾向于具有较多的导向输入，还是倾向于具有较高的 P 值，还是两者兼而有之，我们采取了“残差分析” (residual analysis) 的方法。例如，我们将所有 $K=3$ 的布尔函数再按不同的 P 值分类，如 $P=4/8$ 、 $P=5/8$ 、 $P=6/8$ 、 $P=7/8$ 。对每一个 P 值，布尔函数又可能会有 0、1、2 或 3 个导向输入。因此，在所有 $K=3$ 的布尔函数中，对于一个



给定的 P 值，又会出现导向输入分别为 0、1、2、3 的布尔函数的分布。这样我们不禁要问，对于一个给定的 P 值，如果真实基因是由随机抽取的布尔规则决定的，将会有什么事情发生？与之相比，是否真实的基因中将会出现每个基因中都具有较多的导向输入？这个答案对于 $K=3$ 和 $K=4$ 的基因确实是成立的。

简而言之，如果我们调节 P 值，往往会出现每个基因中都具有较多的导向输入，而且这具有统计学意义。相反，当我们调节导向输入以测试是否具有较高的 P 值时，却没有这种倾向。因此，似乎演化协调了如何选择布尔规则，即用来控制输入为 $K=3$ 、 $K=4$ 以及 $K=5$ 、 $K=6$ 的基因的布尔规则，这样做只是为了更好地利用作为导向函数的布尔规则。

除了误读文章，或者说所读的文章中发表的数据是非随机样本的之外，在我的脑海中一直存在这样的疑虑：由导向函数决定的基因也许有着更加简单易测的遗传效应，更方便于我们研究。也许只有未来的随机选择的结构基因才能真正克服这种倾向的根源。除了这一点疑虑，其他的数据都很令我信服。尤其是，由较高 P 值决定的基因也很容易探测到遗传效应，然而在真实的数据中却没有这种倾向。

有时，真核基因是被每个基因中具有较多导向输入的布尔规则控制的。为什么？我想，原因既不在于化学简化，也不在于自然选择，或许两者都不是。

现在我们来检验一下其结果。我们知道，如果网络中每个基因的输入为 $K=3$ 、 $K=4$ 或更多，如果布尔函数是从输入为 K 的所有可能的布尔函数中随机选取的，那么这样的网络普遍都存在于混沌区域中。我们也确实观察到导向函数。然而这种导向函数足以将 $K=3$ 、 $K=4$ 的网络调节到有序区域中吗？

我们这个小组借用了温启的 DDlab 程序。DDlab 程序在网上随处可见。我们构建了大型的基因网络来检验拥有多于 65000 个



基因的模型系统。我们使得网络的输入为 $K=3$ 或 $K=4$ ，并随机地选择了其布尔函数，正如所预期的一样，它们的 Derrida 曲线位于混沌区域中，被绿色覆盖的海洋出现了，巨大的紫色雪崩也摇曳着系统。

当我们使得网络的输入为 $K=3$ 或 $K=4$ ，并调节了导向输入分别为 0、1、2、3、4 的基因的分布后，结果表明这样的网络完全位于有序区域中。如图 8.14，Derrida 曲线位于主对角线之下。因此在这样的网络中，冻结的红色海洋出现了，只留下几座绿色的孤岛。你也会看到紫色损坏雪崩的幂律分布，并在其 2 倍的基因数的平方根处有一个有限截断（如图 8.15）。这表明，如果人类的任何一个基因受到了微扰，那么最大的基因变化雪崩至少应该包含 634 个基因，这恰好与已知数据吻合。

我们甚至对于细节性的演化调节也有了初步证据。随着每个基因的输入数增加，布尔函数中会有逐渐下降的部分穿过相变进入有序区域中。虽然目前的数据很少，不足以证实这个结论，但是对于 $K=3$ 、 $K=4$ 和 $K=5$ 的真核基因而言，当 K 为了始终停留在有序区域而沿着这样的曲线增加时，导向输入所占的比例会下降。当 K 分别为 3、4、5 时，观察到的导向函数所占的比例分别为 0.795、0.708、0.649。果真如此的话，看来仅有自然选择可以调节它。

还有一些其他的线索，在我以前所写的《秩序的起源》和《宇宙为家》中都有详细的描述，它们都支持细胞位于有序区域中的假设。对它的解释基于这样一个假定——高级真核生物中不同的细胞类型相应于网络中不同的状态循环吸引子。有的吸引子是肝细胞，有的是肾细胞，等等。

- 在布尔网络的所有吸引子上完全相同的被冻结覆盖的核心部分，很可能相应于一组核心基因，其表达在所有的细胞



Derrida 点、数据以及随机

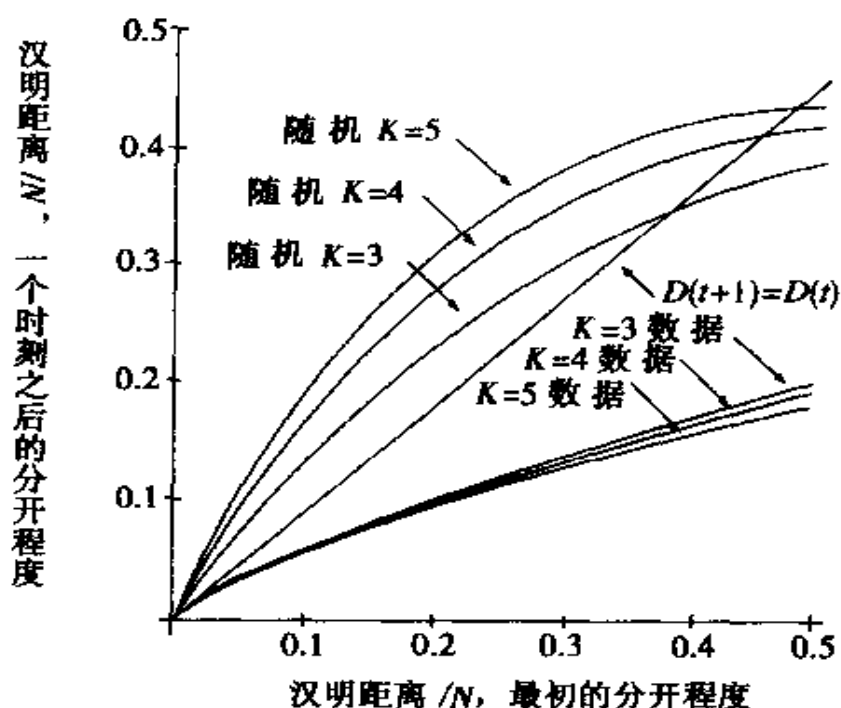


图 8.14 模拟的基因网络的 Derrida 曲线与真核基因的 Derrida 曲线之比较。模拟的基因网络有 $N=1000$ 个基因，输入数分别为 $K=3, 4, 5$ ，布尔函数是随机选择的，这样的三条 Derrida 曲线都位于混沌区域中，而且在模拟的基因网络中，导向函数所占的比率，以及每个基因的导向输入数均与真核基因中 $K=3, 4, 5$ 时的数据一致。真核基因的所有三条 Derrida 曲线都倾向于每个基因中具有较多的导向输入数，而且都非常一致地处于有序区域中。这种一致性表明自然选择通过调节输入数来调节每个基因的导向输入数，最终使得 Derrida 曲线都位于有序区域中（如图 8.15）。这些结果表明真核细胞确实处在有序区域中。

类型上都一致，我们通称它为管家基因^①。

① 管家基因：在所有组织中都存在并表达的基因。——译者注

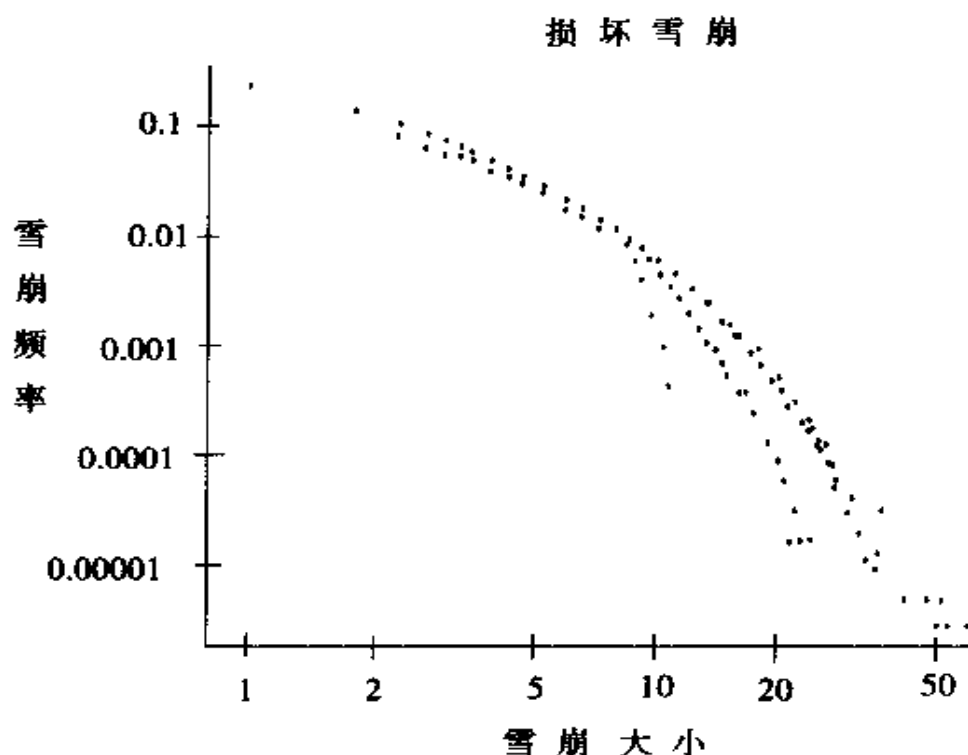


图 8.15 通过改变网络中基因的活性而得到的损坏雪崩的幂律分布，网络的大小分别为 $N=20$ 、80 和 320，其中 $K=3$ 和 $K=4$ 的基因各占一半。结果表明真核基因中倾向于每个基因都具有较多的导向输入数。数值实验产生了差不多 300000 个雪崩。最大的雪崩用基因网络大小的平方根标度。

- 在模型细胞类型的吸引子中，基因活性模式的典型不同之处（通常只是很少的一部分）在于反映了符合真实细胞的数据。
- 状态循环吸引子的数目完全可以用有序区域中基因数的平方根标度。而真实细胞中的细胞类型数则可以用有机体内可估计到的基因数的介于平方根函数与线性函数之间的函数标度，从酵母菌到海绵动物到蠕虫到人类都是如此。比如说人类基因数为 8 万，其平方根大约是 273，



而布鲁斯·阿伯特 (Bruce Alberts) 和其同事们所提供的人体内的细胞类型数是 265。

- 当单个基因的活性受到微扰后，基因变化的雪崩大小呈幂律分布，这与数据也吻合得比较好，尽管目前这些数据仍很贫乏。
- 模型细胞类型可以稳定在许多小的微扰上。真实的细胞类型也是如此。
- 如果一个状态循环吸引子是一个细胞类型，那么从一个细胞类型到另一个细胞类型的细胞分化相应于使得细胞类型从一个吸引子流向另一个吸引子的微扰。在有序区域中，任何一个细胞类型只能直接到达某些相邻的细胞类型，但可以通过不断的微扰，而最终沿着分支发育的路径分化出大量的细胞类型。这种分支分化的模式在多细胞有机体中是众所周知的。

还有一些其他的数据，但也许这已经足够了。我相信这些最初的证据都可有力地证明真核细胞处于有序区域中，但又临近从有序到混沌的相变。

我尝试性地采用这个假设将作为适用于任何生物圈的一个候选法则，它有待于我们的检测。也许对它的证实还需要很长一段时间。

以 Affymetrix 芯片^①为基础的现代技术，已将有成千上万种不同基因的 DNA 以二维阵列形式排列在了微小片基上。RNA 可以从小的组织片断甚至单个细胞中提取，再通过为数不多的几步，就可使 RNA 通过沃森-克里克的碱基对结合到相应的 DNA 序列中来。按这种方法，成千上万种基因中被转录的 RNA 也可同时提取到。这样，我们就可随时跟踪细胞中 RNA 的状态，看

① 美国 Affymetrix 公司是世界上最有影响的基因芯片开发制造商。——译者注



它是处于正常状态，还是处于病态；是处于处理过的状态，还是处于没有处理过的状态，等等。像 Incyte^① 这样的公司就正在做这些事情，并将数据卖给一些大型的制药公司。

然后我们在一个或多个随机选择的位点上，将可控制的顺式作用位点（如启动子）克隆到细胞内，并研究一个或多个基因的活性受到暂时扰动后的效应。是否 Derrida 曲线会位于主对角线之下？是否会出现基因变化的雪崩的幂律分布？我们可以利用数据找到处在相同绿色孤岛上的基因，因为雪崩必须限制在一个岛上，如果雪崩起始于相同岛上的不同基因处，它们只能发生重叠。而且，改变基因活性的模式将会以某种相关方式改变相同绿岛上的基因，但不会改变处在不同绿岛上的基因。

值得一提的是，最新资料也证明了这种相关联的基因活性的改变模式。约翰·威尔斯（John Welsh）分析了一种特殊细胞类型中差不多 2000 个不同基因的转录模式。这种细胞类型是人类新生儿的黑色素细胞，有相区别的三种微扰模式的 8 种不同可能的组合。威尔斯差不多可以区别这近 2000 个基因转录多度（transcript abundance）的上升、下降或不变。在这些基因中，1695 个基因没有检测到改变，约 280 个基因有改变。给定 8 个处理区域，一个是调控区，其余 7 个是由 3 个微扰中的 1 个或多个进行组合而形成的。原则上有 3^7 （约 2100）种可能的响应模式。但奇怪的是，这 280 个基因只给出了 32 种模式。这真有点让人意想不到。

不过更有趣的结果是，32 种模式中有 16 种组成了 8 对镜像对称：在某种情形下，一组基因的转录多度增加，那么另一组基因的转录多度就会减少。在其他的 7 种微扰情形下，刚好颠倒过来，一组基因的转录多度下降，另一组基因的转录多度就会上

① 美国 Incyte 公司是一家大的制药公司，也是基因组的领头公司。 译者注



升。威尔斯找到了 8 对这样的镜像对称的基因，并认为至少有 8 对不同的相协调的基因，每一对都共同调节，而且总会阻碍对方。

说不定威尔斯找到了基因位于 8 座不同绿岛上的最先证据，并且这些基因会因为满是红色的冻结结构而彼此受到阻碍。如果有绿岛存在，它们就是基因组的段落结构。它们就是中等大小的起决定作用的基因组亚回路。对于每一个岛，由于冻结的红色结构而与其他岛截断，这种岛有它自身可供选择的吸引子，比如，这个岛上有 2 个吸引子，那个岛上有 5 个，第三个岛上又有 7 个，那么整个网络的整个吸引子数为 $2 \times 5 \times 7 = 70$ 个。如果是这样，那么细胞类型就是由不同岛做出不同选择而得到的一种组合密码。

还有，我的同事马克·伯利怀特 (Marc Ballivet) 根据我的一点提示，提出了一种能快速从细胞中克隆大部分甚至全部的顺式作用位点的方法。如果成千上万种顺式作用位点都可以被克隆，那么每一种都可亲和纯化结合在它上面的反式作用因子。其他的生物学家也正在学习怎样构建小的遗传回路。按照我们的方法或一些其他方法，21 世纪的药物将能控制遗传网络中基因的活性，由此来控制组织的再生与分化。我们即将进入“后基因组”时代。

我还是回到我的候选法则。接下来我要指出的是，细胞不能单独生存，它们必须生活在群落中，可以是由单细胞有机体组成的群落，也可以是由多细胞有机体组成的群落，或者它们生活在具有高度复杂性的多细胞有机体的组织中。这样，就自主主体群落而言，任何一个候选法则都得考虑进来。

考虑由不同种细菌构成的生态系统。每一种都可以分泌不同的化学物质 S，这种化学物质会冲击其他细胞物质的子集 C。图 8.16 给出了一个三维坐标系，其中一个轴代表单个孤立细菌的秩序-混

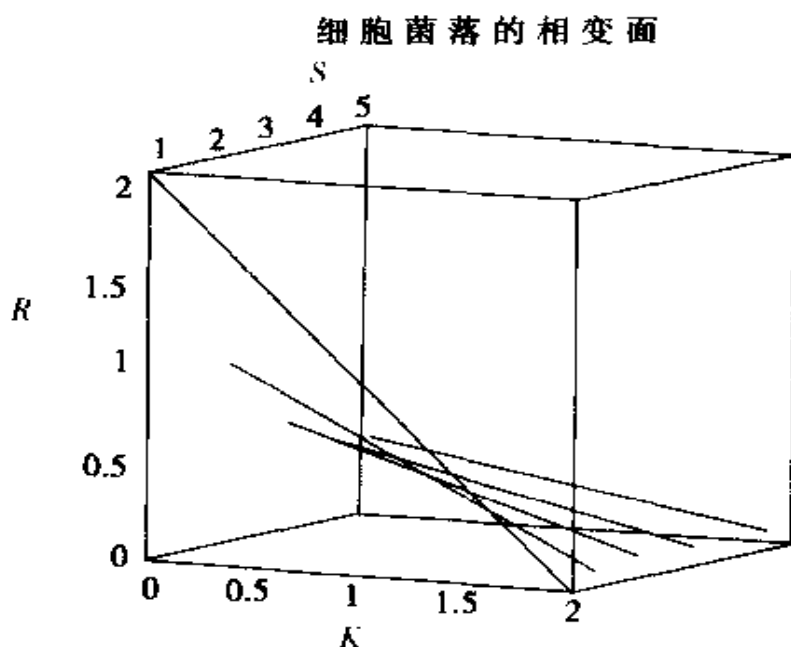


图 8.16 细胞菌落或细胞组织的相变表面。每一个细胞中的每一个基因都有 K 个输入，而且每一个细胞都与 S 个其他细胞相互作用，并且细胞间相互交换所占的比率为 $R = C/N$ 。如果每个基因中的导向输入数不多，或者说 P 比较小，那么仅有一些输入数为 $K=2$ 的孤立细胞才会发生相变。当这些细胞通过与来自于 S 个细胞中的每一个细胞的部分基因产物（其比率为 $R = C/N$ ）相互作用而产生了微扰时，细胞最好通过减少 K 来回到有序区域中，免得因为每一个细胞受到了 S 个其他细胞的微扰而不得不进入混沌区域中。图中结果表明，在相变面之下，细胞和菌落处在有序区域中，在相变面之上，细胞和菌落处在混沌区域中。真实的细胞中大多数基因的 K 都大于 2，但是可以通过增加 P ，或者增加每个基因的导向输入所占的比率，而回到有序区域中。我猜测，菌落和组织通过调节 S 和 C/N ，以及每个基因的导向输入，使得菌落或组织停留在相变面上，或者是处在有序区域中，但又临近相变面。这里我们可以得到可靠区别的最大值，而且无须颤抖的手就可以作用在这些区别上。由于真实细胞的输入数 K 都大于 2，而且每个基因中具有较多的导向输入数，这样使得单个的细胞都恰好处在有序区域中（图 8.14），不过也还留有了一定的空间给细胞间的化学耦合，使组织或菌落处在混沌与相变之间的交界处。



沌轴，这可以根据 Derrida 曲线标准测量，其中秩序在左边，临近起点，而混沌在右边。剩下的两个轴分别为 C 轴和 S 轴。

如果一个给定的细胞处在秩序和混沌之间的相变处，并且每个细胞中的 S 个额外分子输入来自于 C 种不同的细胞类型，那么细胞中总的连接性就会从 KN 变为 $KN+CS$ 。这将推动细胞进入混沌区域。事实上，整个群落都将会进入混沌区域。

由此，在如图 8.16 所示的坐标系中，Bios 小组的伊戈·益信 (Igor Yakushin) 指出，双曲面将有序区域与混沌区域分开。细胞可以通过在有序区域中变得越发有序而免于受到其他物质的化学微扰。通过增加每个基因的导向输入就可实现这一点。而且就像上面所描述的一样，真核细胞个体确实位于有序区域中，也许还可以起到缓冲作用，因为像酵母菌这样位于微生物群落中的细胞以及像人类细胞这样位于组织中的细胞，它们都会受到同一体内来自其他细胞的化学信号的袭击。

不妨设想细胞群落以及组织都位于秩序和混沌的相变面上。这个假设其实是很容易检测的。如果是这样，一种细胞类型中某个基因受到微扰将会触发一个基因活性发生变化的雪崩的幂律分布，这个分布将会从受到微扰的基因传到这一细胞和物种中的其他基因，再传到其他物种中其他细胞的基因。而且整个群落的 Derrida 曲线都在相变处。

我们正在进行一项数值检测。数值检测的目的在于检测位于相变处的细胞和群落是否会创造最大数量的可靠区别与作用，而无须颤抖的手。

只知道哭泣的细胞也许永远也不会获得它们的吸引子。从群落的每一个细胞中挑出一个状态子集 M 作为它的“作用”状态。在数值上，让群落从混沌边缘的表而某处开始，经过一段比较长的时间后， M 个作用状态将会以某种次序邂逅，由于每一个细胞受到了来自 C 个其他细胞类型的 S 个化学信号的微扰，因此在成

对的 M 个状态之间将会产生某种相变的几率分布。每一细胞中 M 个作用状态间的相变可以用矩阵形式写出，这样大家可以清楚地看到 M 个状态中任何一对的相变几率。从这可以看出，我们完全可以计算出 M 个状态中各对的相互信息 (mutual information)，简写为 MI 。

$MI = H(A) + H(B) - H(AB)$ 。这里， $H(A)$ 是 A 的熵， $H(B)$ 是 B 的熵， $H(AB)$ 是 A 和 B 共同的熵。如果 A 和 B 是随机发生的，那么 $H(AB) = H(A) + H(B)$ ，因此 $MI = 0$ 。如果 A 或 B 中有一个没有发生改变，那么 MI 也为 0。但是如果 A 和 B 以某种相关方式改变了，那么 MI 为正。由此我们不禁要问， M 取什么值时，可以最大化 M 个状态间的相互信息，它与图 8.16 中位于混沌边缘相变处的细胞和群落有何关系， M 个作用状态间的相互信息与每一细胞类型的 CS 输入信号模式中的相互信息，其关联的程度如何？更加推广来说，是否选择能最大化 M ，以及相互信息的关联？如果是这样， M 应该取什么值， M 是在相变表面上还是在相变表面下（图 8.16）？

我并不知道答案，但希望最优化的点位于相变表面上，因为这样选择的相互信息关联将会显示出，有着如此这般调节网络的如此这般的细胞群落能创造最大数量的可靠区别和作用，创造出复杂世界中的复杂的谋生组合而无须颤抖的手。

候选定律之二：群落集聚可达到自组织临界状态

我还是先唐突地引用自组织临界，然后再给出其定义。

1988 年，巴克 (Per Bak) 和他的同事们发表了一篇有关沙堆模型的文章。实验道具很简单：一张大而平的桌子，足够的沙。让沙从桌子上方缓缓滑落，沙逐渐向上堆起来，但最终会到达某个静止角 (rest angle)，同时沙也滑到了桌子边缘。你仍缓



慢地加沙。这时沙滑雪崩开始形成，然后沙滑落到了地板上。测量雪崩的大小分布，你会看到一个幂律分布，有许多小的雪崩和少数大的雪崩（如图 8.17）。

事实上，幂律分布能以各种方式出现。其中一种就是出现在相变处，比如在铁磁体的相变温度处。若高于相变温度，磁自旋彼此随机地排成一行并保持翻转，若低于相变温度，铁磁体的磁自旋往往也会排成一行，但都指向同一个方向，如都是北极朝上。这样，这个铁磁材料就被磁化了。在相变温度处，某种意想不到但又很“普遍”的事情发生了：朝向同一个方向的自旋簇出现了，而且这个簇还有一个大小的幂律分布。幂律分布意味着系统中没有优选的大小尺寸。如果存在一个优选的大小尺寸，那么这个簇在大小上将呈现指数分布。在某一点处，这个簇将是微自旋簇的一半大小。

沙堆模型也是如此。就沙滑雪崩大小的幂律分布而言，也没有一个优选的大小尺寸。它们最大的不同之处在于聪明的物理学家可以将铁磁体的温度调节到临界相变温度，而巴克和他的同事们什么也没调节，他们仅仅只是让沙随机缓慢地落到沙堆上，沙堆再自己调节到临界状态。所以，由此而得名——自组织临界性。

我们中有许多人都开始喜欢上了这些结果。当然其中也不乏争议。我站在这场争议的积极面一边。我知道这个理论对真实的沙不适用，因为真实的沙边缘很粗糙，如果换成瑞士的小沙粒倒是很管用的。不管怎样，我都很喜欢它。牛顿的万有引力定律对同时从比萨斜塔落下的炮弹和小纸片就不适用，小纸片和炮弹并不能同时砸在地上，大家都知道这是因为有风的阻力存在。大多数理论学家都喜欢用“保持其他因素不变”的说法。但我怀疑巴克和他的同伴们找到了非平衡系统自组织的真谛。

四个候选定律中的后三个都是对这一思想的不同运用，甚至

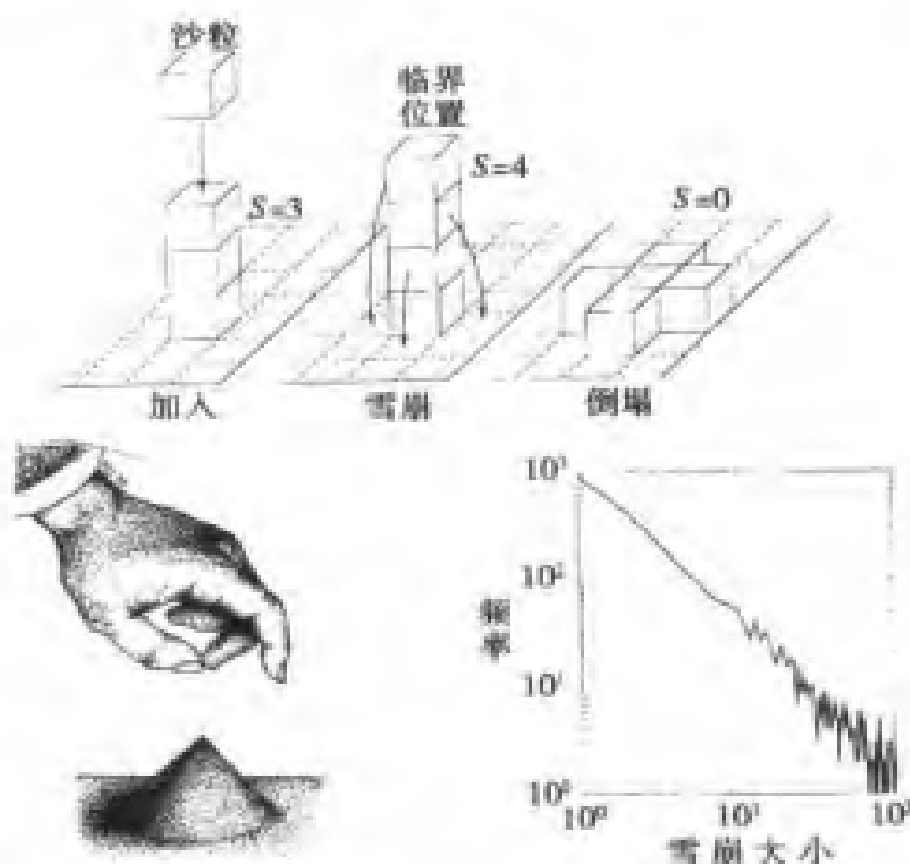


图 8.17 巴克他们的沙堆模型。这是一个理想化的沙堆模型，你不断地将立方形的沙粒加到沙堆顶上。最大的高度差只能为 $S=3$ 。如果再有一粒沙加到沙堆上，使得 $S=4$ 时，沙堆将会倒塌，四个立方体分别倒向四个方向，最后出现 $S=0$ 的位形。不断地在桌面上的随机位置加沙来构建沙堆，直到雪崩大小呈现稳定的幂律分布，也就是在双对数图中出现线性关系（一个是雪崩大小的对数值，一个是给定大小下雪崩频率的对数值）。这种系统的性质称为自组织临界性。

可以说候选定律一也是对这个思想的运用。选择将细胞群落调节到了秩序和混沌的相变处，而损坏雪崩的幂律分布也在系统中传播开来。

下面将要谈到的结论并不是我自己的工作，而是源于生态学



家斯图尔特·皮姆 (Stuart Pimm)、麦克·波斯特 (Mack Post) 以及最近的布鲁斯·索希尔 (Bruce Sawhill) 与提姆·凯特 (Tim Keitt) 的杰作, 并且其中还用到了物理学家斯科特·科克帕特里克 (Scott Kirkpatrick) 和他的同事们的工作。

首先来看一看 20 世纪 70 年代末由早期的斯图尔特和麦克所完成的工作: 他们关注的是将有机体群落集聚到一个局域生态系统中 (图 8.18)。他们忽略长期的共同演化, 并运用了 Lotka-Volterra 方程^①。这些方程基本上可以表明, 任何一个物种会吃掉哪些物种, 它怎样轻而易举地将吞食的猎物转化为它自身的额外拷贝, 它不吃食物又以怎样的速度复制它们自身。植物、草食动物和肉食动物都是其中的典型代表。

斯图尔特和麦克的研究结果令人震惊却又让人难以理解。他们在计算机上模拟了一群假想的生物, 每一生物都受 Lotka-Volterra 方程的约束, 方程的参数是从分布中随机选取的。然后全凭个人喜好, 斯图尔特和麦克一个--一个地选择了自己喜欢的物种, 并将它们置于用计算机模拟的东部堪萨斯 (Kansas) 州。——“堪萨斯的人们喜欢精益求精,” 我的朋友韦斯·杰克逊 (Wes Jackson) 曾经对我们这一群人如是说过。我们都在 1 月份访问过堪萨斯的兰德研究所 (Land Institute)。我们看到了十分别致的各种不同形状的褐色的草、树、鹰、老鼠等。我们自然同意他的观点。

以下便是斯图尔特和麦克所发现的: 当第一批物种通过计算机置于东部堪萨斯州后, 他们通过同时运行所有物种的 Lotka-Volterra 方程, 测试了这些物种是否可以共同生存, 以此判断是否假定的物种都能存活。举个例子, 模拟的群落是否会达到一个 4-物种的稳定态比率, 是否会产生一个极限环振荡, 或者进入带

① 描述种群间相互竞争作用的方程。 译者注

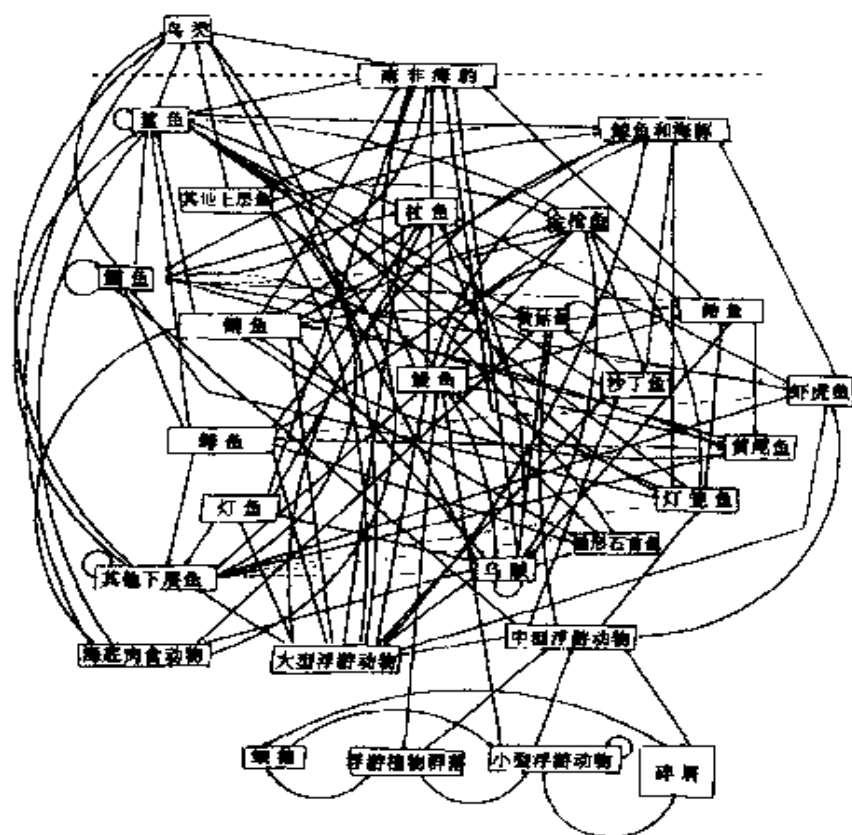


图 8.18 典型的复杂生态系统

有奇异吸引子的混沌动力学（所有物种的奇异吸引子均不为 0）。

很好，模拟的群落很稳定。他们继续加入随机选择的物种。起先，很容易加入新的物种，但随后变得越来越难加入，直到最后不能加入新的物种。这其中的奥妙是什么？并不是缺乏食物和能量。斯图尔特和麦克开始留意到，在集聚群落时，有时再加入一个物种都会使得其他一个或多个物种发生局域性灭绝。他们开始寻找这种灭绝事件的幂律分布的证据。

为什么？谁也不知道。斯图尔特在他的《自然平衡》（*The Balance of Nature*）一书中倒是谈及了一些非常精彩的观点。但我将转向最近由布鲁斯和提姆所提出的新观点，他们用到了物理学家斯科特·科克帕特里克的成果。斯科特和其他人一道共同创



造了非常著名的谢灵顿-科克帕特里克 (Sherrington-Kirkpatrick) 自旋玻璃模型^①，并由于他的聪明才智，受到了 IBM 公司的任用。不久前，他又开始从事“Ksat 问题”的研究。

下面就是 Ksat 问题。考虑像在布尔网络中一样的逻辑公式，或逻辑表达，任何布尔表达都可写成“标准选言形式”，如 $(A_1 \text{ or } A_2) \text{ and } (A_3 \text{ or } A_4) \text{ and } (\text{not } A_1 \text{ or } \text{not } A_4)$ 。在这个表达式中，一个括号构成一个“子句”。因此这个逻辑表达式中有 3 个子句。子句用“and”连接。这样，如果要整个陈述都是逻辑真，那么所有三个子句都得为逻辑真。对每一个子句，变量通过逻辑“或”连接，用 $\vee$ 表示。若 $(A_1 \vee A_2)$ 是真，则要求 A_1 是真或 A_2 是真或两者都是真。

如果我们指定上述四个变量： A_1 ， A_2 ， A_3 和 A_4 的真与假（即 1 或 0），那么上述表达式是否可以得到满足呢？回答是肯定的。如果令 $A_2 = \text{真}$ ， $A_3 = \text{真}$ ， $A_1 = \text{假}$ ，那么所有的子句都可满足。另一方面，看看 (A_1) 和 $(\text{not } A_1)$ ，我们并没有指定 A_1 的真与假，但 A_1 可使得包含有它的两个子句都为真，因为它们是互相矛盾的。更一般的，对于标准选言形式中的任何一个表达式，若每一个子句中有 K 个变量 $(A_1 \vee A_2 \vee \cdots A_K)$ ，总共有 C 个子句以及 V 个变量 $A_1, A_2, \cdots A_V$ ，那么这个表达式可以被满足，也可以不被满足。

斯科特和他的朋友们给出的最好结果就是一个相变，是从 Ksat 表达全都可以满足到 Ksat 表达全都不能满足的相变（如图 8.19）。

如图 8.19， x 轴下方标记了 C/V ，这样， x 轴代表子句与变量的比值，即平均而言，每一变量可以位于多少个子句中。很显然，当每一个变量处在越来越多的 C 个子句中时，通过随机指定

① 自旋玻璃：原子自旋是固定的，取向是不规则的物质。——译者注

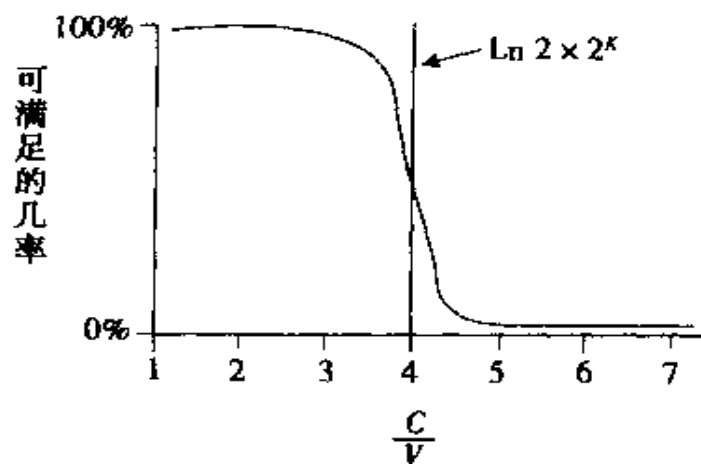


图 8.19 K_{sat} 问题中的相变。当子句 C 与变量 V 的比值增加时，在一个随机选择的布尔表达中，标准选言形式中的每一个变量就会出现在更多的子句中。这种增加使得不太可能通过指定每一个变量的真或假后，可以使得整个布尔表达为真。随着 C/V 的增加，将会在满足布尔表达的几率空间出现一个陡然下降的相变。相变发生在 $\ln 2 \times 2^K$ 的地方，依赖于每一个子句中的变量数 K 。

变量的真与假，即 V_i 与 $\text{not-}V_i$ ，那么所有子句能同时被满足的机会就变得越来越难。另一方面，随着 K 的增加，每个子句中有了更多的变量，只要有一个变量可以满足子句，那么整个子句都可以被满足，因为子句中的每一个变量都是用“或”连接的。这样，随着 K 的增加，问题反而变得简单了。

值得一提的是，在 C/V 轴的 $\ln 2 \times 2^K$ （约 0.6×2^K ）处有一个相变，如图 8.19。当 C/V 的值小于相变值时，表达式几乎可以全部满足，当 C/V 超过了 0.6×2^K 的临界值时，表达式能被满足的概率会陡然下降到接近于 0。

现在布鲁斯和提姆所持有的观点就是，构建由随机选择的生物所组成的群落并有着随机的食物和所要求的生态位就好像 K_{sat} 问题一样。他们考虑了 S 个物种。每一物种的生态位包含了 S 个



物种中它所能吃掉的某些物种以及吃它或杀它的某些物种。例如，物种 S_7 必须吃掉 S_3 或 S_5 或 S_9 才能获得生存，但只要没有 S_{10} ，它也能独立生存。 S_{10} 对 S_7 的叶绿体有害，而这种叶绿体可以使 S_7 成为自养生物。若物种 S_7 要获得幸存，用选言形式可写为 $(S_3 \vee S_5 \vee S_9) \text{ and } (\text{not } S_{10})$ 。

布鲁斯和提姆对不同的 S 、 K 和 C 值做了数值实验，其中 K 为任何一个给定的物种所能吃掉的可供选择的物种数目。 $(S_3 \vee S_5 \vee S_9)$ 相应于 $K=3$ 。他们发现了相同的相变。随着越来越多的物种加入，物种间就会存在越来越多的相互作用，因为成对作用的概率会以物种种类数的平方增加。如果是这样，每一物种在子句中出现的数目就会增加，因此 C/V 也会增加，于是在某个点处， K_{sat} 系统的满足性就会由易变难，于是加入新的物种就会变得越来越难，直至不可能。最后因为 K_{sat} 问题从容易变到不可能，所以整个群落被填满了。

我发现这种思维方式很有趣。不妨对每种物种吃什么或杀什么的概率给予一个合适的假定，多少有点儿是随机指定的，然后随着物种数的增加，成对的物种数也会增加，但尽管在持续加入物种，这个群落却只能有限扩充。布鲁斯和提姆也许找到了斯图尔特和麦克早期研究结果的最根本原因。而且布鲁斯和提姆似乎为新物种的加入所导致的局域灭绝事件的大大小小的雪崩以及群落的填满找到了合理的数值验证。

与此同时，将真实有机体集聚为群落的实验工作也给出了同样的结果。群落往往有限扩充到一定程度时，便会出现大大小小的局域灭绝事件。

候选定律之三：适应度景观与有机体共同演化到自组织临界状态

达尔文有一套很完善的理论：渐进论。达尔文认为，物种通



过自然选择层层筛选出来的对生物有用的遗传变异的长期不断积累来演化。

达尔文的理论对当代生物乃至有记载以来的古代生物都是适用的。遗传学家们对各种有机体进行了研究，如老鼠、果蝇、玉米、酵母菌以及许多其他真核生物等。70年的艰苦努力表明，就当代生物的形成而言，大多数突变只产生极其微小的效应。举个例子，这个例子我以前也曾提到过，我对果蝇属研究了12年，果蝇有腹部刚毛，果蝇腹部的刚毛会少量地增加或减少，但这种突变的数量一般并不多，果蝇也似乎并不介意这种突变，至少在我和其他生物学家的实验室里是如此。

能产生显著效应的突变很罕见。著名的果蝇的同源异型突变体^①就是一个典型的例外，因此同源异型突变体吸引了我和许多其他的生物学家。在这种突变中，一个单突变体能将一个触角变为一条腿，或将一只眼睛变为一只翅膀，或将头部变为生殖器，这些突变体可以在实验室里生存下来，但在真实世界中就不行了。

因此，各种突变加在一起所产生的遗传变异大多数只产生很小的效应，渐进的变异就好像是“选择”加工厂里不断加入的谷物。在某种程度上，当前的有机体都在设法使它们自身大多数的突变只具有很微小的效应。大多数的突变都只具有微小的效应，所有的复杂系统都满足这样的性质吗？如果不是这样，达尔文选择的渐进论又从何而来？

更重要的是，很容易创造这样的系统——它们不可轻易地通过突变和选择适应。接下来要谈论的并不是一个定理，但它将来一定是。这个问题我在《宇宙为家》一书中也提及过。也许这本书的许多读者都是优秀的程序员。考虑一个典型的程序，比如用

① 同源异型突变体通常引起器官的错位发育。 译者注



C、Java 或某些其他语言编写的程序，也许它计算某些东西就像计算 200 万个整数的平方根一样简单，也许它模拟了一个生态系统。不管程序在做什么，我们只是希望在代码中制造一些随机的突变来演化这个程序。

我们都知道将会发生什么事情，计算机程序的大多数突变都会产生较重要的效应。程序不会编译，如果它编译了，它就会产生一长串毫无意义的符号，或者进入觉察不到的无限循环，并“死机”。

如果我们删除代码中的冗余，我们就会把事情变得更糟。任何计算机程序都可用二进制符号串 1、0 写出，这些符号串代表了程序的输入数据和程序自身。

现在，专门有一个计算科学领域用来研究一个程序有多么冗余，例如，一个简单的冗余可以复制每一个二进制符号。计算机专家们谈到了删除计算机代码的冗余可以获得可能的最压缩的代码。有一个定理是这样说的，没有证据表明一个给定的计算机程序能最大化地被压缩，但是如果它被最大化地压缩了，从严格意义上来说，并不能探测到它与随机的二进制序列有何不同。

图 8.20 给出了一个四维的布尔超立方体，用长度为 4 的二进制序列表示，可以从 (0000) 到 (1111) 间变化，一共有 2^4 (约 16) 个可能的二进制序列。每一个序列是超立方体的 16 个顶点中的一个，与它相邻的四个点都只有一个发生了突变，即 4 个二进制符号中只有一个从 1 变到 0 或从 0 变到 1。假想我们所考虑的最小程序是长度为 1000 的二进制序列，那么这个最小的程序可以用 1000 维布尔超立方体中的一个顶点表示，而这个超立方体有 2^{1000} (或 10^{300}) 个二进制序列，即顶点。格雷戈里·凯汀 (Gregory Chaiten) 曾给出过一个定理，如果有一个最小的程序含有 1000 个二进制符号，至多存在一个这样的最小的 1000 比特的符号序列。简而言之，在 1000 维布尔超立方体中只有一个顶点

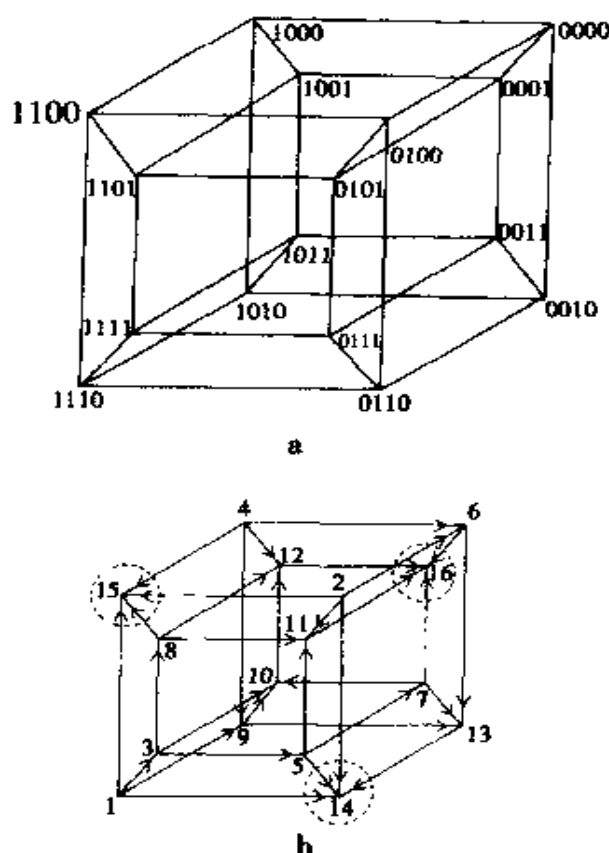


图 8.20 四维的布尔超立方体。每一个顶点含有四个变量，每一个变量要么为 1，要么为 0。每一个顶点都有四个相邻的点，而每一个相邻的点都只是在四个变量上有一个不同。任何一个计算机程序都可以用长度为 N 的二进制符号串写出，因此，它也就位于 N 维的布尔超立方体的一个顶点上。

满足所要求的最小化程序。现在假定超立方体中 1000 比特序列中的每个其他序列都是一个计算机程序（这是一个臆想实验，因为我还没有在真实的计算机上执行过，而且也没有谁能证明我以下看似合理、且极有可能的猜测）。将每一个二进制序列作为输入数据运行，并在我们的通用计算机上编写程序。然后在某种意义上测量这个程序的打印输出与正确程序的打印输出的有限部分相差有多远。如果你是以正确程序开始，我敢打赌，既然所有的



冗余都被除去了，任何一个代码的突变都将使代码所做的随机化。与 1000 序列的一次突变的二进制符号串相比，突变较多的 1000 比特的二进制符号串与其一样，同为好的或坏的正确程序的近似。

如果把二进制符号串程序的输出与正确程序的输出有多接近的测量看做是这个被测量二进制符号串的“适应度”，那么可以将适应度用高度表示。因此，1000 维布尔超立方体的高度分布就是一个适应度景观。我猜测如此产生的适应度景观应该完全是随机的，相邻的点可以都有适应度，但适应度间可以没有任何关联。

不妨假定我的猜测是正确的。有定理表明，不可能通过长期地积累改进程序的突变而逐渐上爬到顶峰，即惟一正确的程序。事实上，找到惟一正确程序的惟一有效办法就是搜索整个 1000 维布尔超立方体。你只有察看了立方体的 10^{300} 个顶点中的绝大部分后，才可以找到最有效的程序。这类问题就是“NP-hard”^①问题，即问题的大小用二进制符号串长度的指数标度。不过一个简单的例子倒是引出了一个普遍结论：并不是所有的复杂系统都可通过一个演化过程集聚！

也就是说，只有某些复杂系统才能通过演化过程集聚。这表明基于突变、重组、选择以及当代生物的遗传搜索机制的演化过程对一类特殊的适应度景观才有意义，这类适应度景观的高峰往往彼此密集成簇，而峰的两边很平滑，就像高高的阿尔卑斯山脉一样。

这些相关联的适应度景观从何而来，我在第一章中也曾问到这个问题。让我来回顾一下比尔·麦克里迪和大卫·沃伯特的没

^① NP-hard 问题：当被处理问题的规模增大时，计算机的计算量有可能成百倍、成千倍地呈指数型的增长，最终在时间和空间上超出计算机的实际计算能力。对于这类难解问题（NP-hard 问题），人们很难找到快速有效的算法。——译者注



有免费的午餐理论。麦克里迪和沃伯特想知道对所有可能的适应度景观取平均后，像突变和选择这样的搜索算法是否会优于所有其他的搜索算法，如对景观的随机搜索，或逐一向下搜索，或像挑选生日一样，取它们平方并以随机选择的方向跳过这个距离。

没有免费的午餐理论证实了对所有景观取平均后，没有哪一个搜索算法会优于另一个搜索算法。不可思议！平均而言，在寻找高适应度的峰值过程中，随机搜索和逐一向下搜索与逐渐向上爬式的搜索一样管用。只是我们这些有机体似乎已习惯了使用突变、重组和选择。然而有机体和生态系统是相当复杂的。我又忍不住问道，“好”的景观从何而来，即达尔文的渐进论在搜索中可以工作得非常好的景观？

在第三章，基于以上思想我将自然游戏定义为谋生方式。很自然地，谋生方式会随着有机体的演化而演化，因此你可以不假思索地得出这样的结论，胜利的游戏是胜者所玩的游戏。

也是在第三章，我谈及了以下观点：谋生方式引发了一系列问题，这些问题可以通过有机体的搜索机制，如突变、重组和选择，而被很好地搜索出来，同时谋生方式也可以被很好地搜索出来。于是许多同胞物种出现了，谱系也分支了。于是又涌现出了更多谋生的物种，以及更多通过有机体的搜索机制而被很好地搜索出来的谋生例子。

简而言之，一定会出现一个自我连贯的共同构建的生物圈，其中有机体的谋生方式、搜索机制可以共同且自我连贯地存在。有机体并不能解决任意的问题。我们人类就只能解决给定了求解方案的问题，除此之外又能怎样呢？

因此，我们应该去寻找一些更可行的机制——有机体就正在调节它们在演化中一直搜索的适应度景观的统计结构。但问题比仅仅搜索一个固定的适应度景观要复杂得多。适应度景观并不是固定的。如果非生物环境改变了，有机体的适应度景观就会改



变、扭曲直至破坏。

更糟糕的是，有机体在共同演化。我最喜欢的例子仍然是青蛙和果蝇的例子。如果青蛙长了一个黏性的舌头，那么果蝇的适应度就会随之改变，果蝇的适应度景观也会改变，它接下来的生存反应也会改变，它应该长出一对滑溜的双脚，或者能产生黏性物质的溶解器，或者有更灵敏的嗅觉以便在青蛙接近之前能嗅到黏性物质的存在……

因此，由于共同演化，当其他物种的适应性发生改变时，生物圈中每一种物种的适应度景观都会变形。

用 NK 模型探讨共同演化

以下这些结果在《宇宙为家》一书中都已经给出了，但在此仍有必要提及。既然这些结果早已公之于众，我这里只是简明扼要地谈一下。

NK 模型是一个简单的虚拟世界，假想其中每一个有机体有 N 个基因，每个基因有两个“等位基因”（或用 0 和 1 表示），每个基因的每一个等位基因都对有机体的适应度有贡献，有机体依赖于这个基因的等位基因和 K 个其他基因的等位基因。在遗传学中，这 K 个其他的基因称为一个给定基因的适应度贡献的“上位性效应”^① 输入。 N 个基因的等位基因的 2^N 种组合都位于 N 维超立方体的顶点上，如图 8.20。每一种类型的有机体的适应度都写在那个顶点上，可以将适应度看做是高度。因此，NK 模型创造了一个 N 维布尔超立方体的适应度景观。为了使问题简化，我假定所有的生物都只有一种染色体，都是单倍体。此时生殖细胞

^① 上位性效应：是指不同位点的基因之间的交互作用对基因型总效应的贡献。——译者注

不需要经过受精作用，细菌就是一个例子。

当选定了 N 和 K 之后，如 $N=3$ ， $K=2$ ，剩下的都是随机做的，只是希望 N 和 K 的遗传特征能在适应度景观的统计结构中显现出来（图 8.21a~c）。在这个例子中，每一个基因的 K 个输入都是从 N 个基因中随机选出的，每一个基因有两个等位基因 1 和 0。影响这个基因的适应度贡献的有：它的某个等位基因的出现，以及 K 个其他上位输入基因的某个等位基因的出现。这样，每个基因的适应度贡献受到 $K+1$ 个基因的影响。

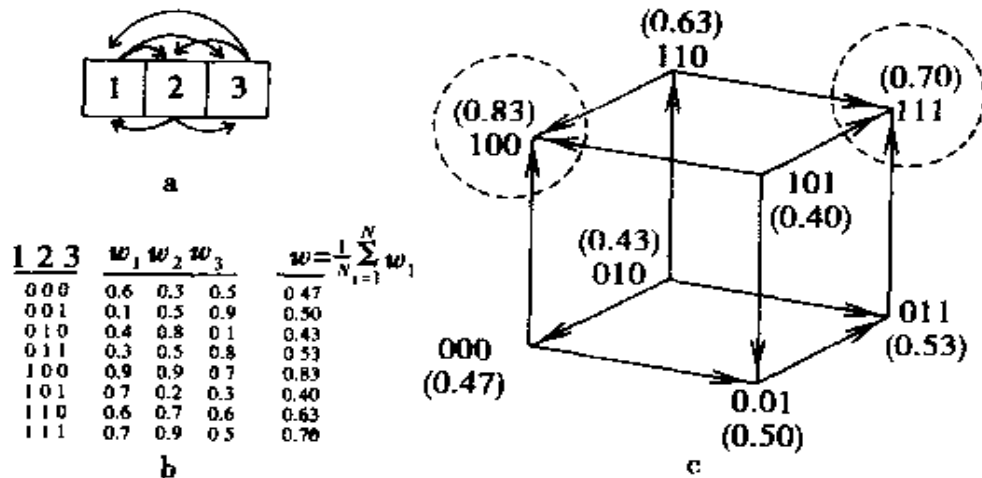


图 8.21 构建适应度景观。a 图包含有三个基因的基因组网络的 NK 模型 ($N=3$)，每一个基因都有两种可能的状态，或者说两个等位基因 1 或 0。每一个基因都可以从其他两个基因获得输入（即 $K=2$ ）， K 影响着每一个基因的适应度贡献。b 图三个基因一共有 $2^3=8$ 个可能的基因组，对于每一个基因组中的每一个基因，从 0.0~1.0 之间随机选择一个小数作为它的适应度贡献。而每一个基因组的适应度则用三个基因的适应度贡献的平均值表示。c 图构建好的适应度景观。用圆圈圈住的点代表局域最适应的点。每一条线上的箭头代表“上升”的方向。适应性行走就是从景观上的一个初始位置出发，顺着箭头走，直至到达局域峰。



影响 N 个基因中每一个基因的等位基因有 2^{K+1} 种组合，为了研究这种系统的遗传特征，我对每一种组合都随机地指定了一个“适应度贡献”。不过一经指定，便不再改变。适应度贡献从 $0.0 \sim 1.0$ 的间隔中均匀选取。在此我没有运用显示基因何时开启和关闭的布尔函数，而是针对影响一个给定基因的 2^{K+1} 个等位基因状态中的每一个状态，我写出了一列向量，在每一个位置都是一个随机小数。一旦对 N 个基因中的每一个基因都这样做了之后，剩下的便是用每一个基因的一个特殊等位基因来定义有机体的适应度。我将它定义为 N 个基因的平均适应度贡献，结果便产生了一个 N 维超立方体的适应度景观（图 8.21c）。

下面我将简要概述 NK 景观结构所得到的结果。当 $K=0$ 时， N 个位点中的每一个都是独立的。在每一个位点都是一个最优的等位基因，由此便得到一个总的最优基因型。其他的基因型都是次优的，但能通过将一个较不受欢迎的等位基因发生翻转后变成一个较受欢迎的等位基因，即 1 变 0 或 0 变 1，以此来登上顶峰。其景观就像富士山一样，只有一个单峰，峰的侧面很光滑。当 K 取最大值 $N-1$ 时（图 8.21a~c），每个基因都影响着所有基因的适应度贡献，这是一个总体上相互关联的系统，既然适应度的值可以在 2^{K+1} （或 2^N ， $K=N-1$ ）个输入位形中随机指定，那么就很容易得出适应度景观是完全随机的。

随机景观的一个最主要特征是，有着近乎成指数关系的大量局域峰。事实上，局域峰的数量为 $2^N/N+1$ 。若 $N=1000$ ，在景观上就有 10^{297} 个局域峰。通过逐渐上爬找到顶峰是不可能的，系统被限制在了一个局域峰上。随机景观的其他特征还包括：从较适合的相邻到附近的峰的行走路线的长度（用 N 的对数标度），以及上坡的范围减小等。在上坡的每一步中，范围将会逐渐减半，由此在寻找更适合的变异中，产生指数性的减速。有关变异速度会呈指数性减速的普适规律，我们将在下一章讨论经济学中



的“学习曲线”^① (learning curve) 时谈及。

现在, 再来讨论共同演化以及适应度景观结构的演化。图 8.22 给出的是一只青蛙和一只果蝇的 NK 景观, 它们的 NK 景观都耦合在一起。青蛙 N 个基因中的每一个所获得的输入包括来自于它自身的 K 个基因以及来自于果蝇的 C 个基因。果蝇亦然。这样, 青蛙的黏性舌头将影响果蝇是否有滑溜的脚, 是否有黏性物质溶解器, 以及是否对青蛙的黏性舌头具有强烈的嗅觉, 从而影响果蝇的适应度。而青蛙中的每个基因为了容纳 C 个耦合, 不得不死死盯着 $K+C$ 个输入, 它的随机适应度贡献会随着新的随机小数而增加。果蝇对青蛙的影响也是如此。

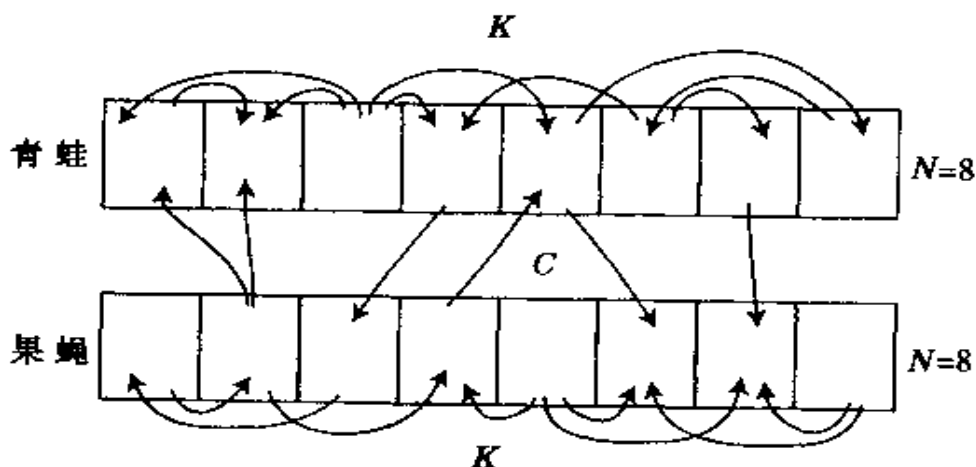


图 8.22 青蛙和果蝇的 NK 景观。青蛙和果蝇每一个都有 $N=8$ 个基因或性状。每一个基因或性状都对青蛙或果蝇的适应度有贡献, 而且青蛙或果蝇的适应度贡献还依赖于各自的 K 个其他性状。同时, 青蛙体内的基因或性状, 其适应度贡献还可以通过青蛙和果蝇之间的 C 个耦合量来依赖于果蝇的基因或性状, 反之亦然。由于青蛙和果蝇之间存在着这些耦合量, 当青蛙种群在青蛙的适应度景观上移动时, 果蝇的适应度景观也会发生变化。反之亦然。

① 学习曲线: 表示一种商品的平均成本与生产者的累积总产量之间的关系。· 译者注



现在，当青蛙种群通过突变和选择在青蛙的景观上向上移动时，这些移动也会扭曲果蝇的景观。反之亦然。共同演化是一种耦合变形景观的游戏。图 8.23a~c 给出的是模拟生态系统中的共同演化，其物种数分别为 4、8、16。由于物种的共同演化景观会变形，因此一个物种的适应性移动会造成其他物种的适应度下降。一般来说，这样的共同演化系统能在两个区域中运行，一个是有序区域，一个是混沌区域，它们通过相变分开。

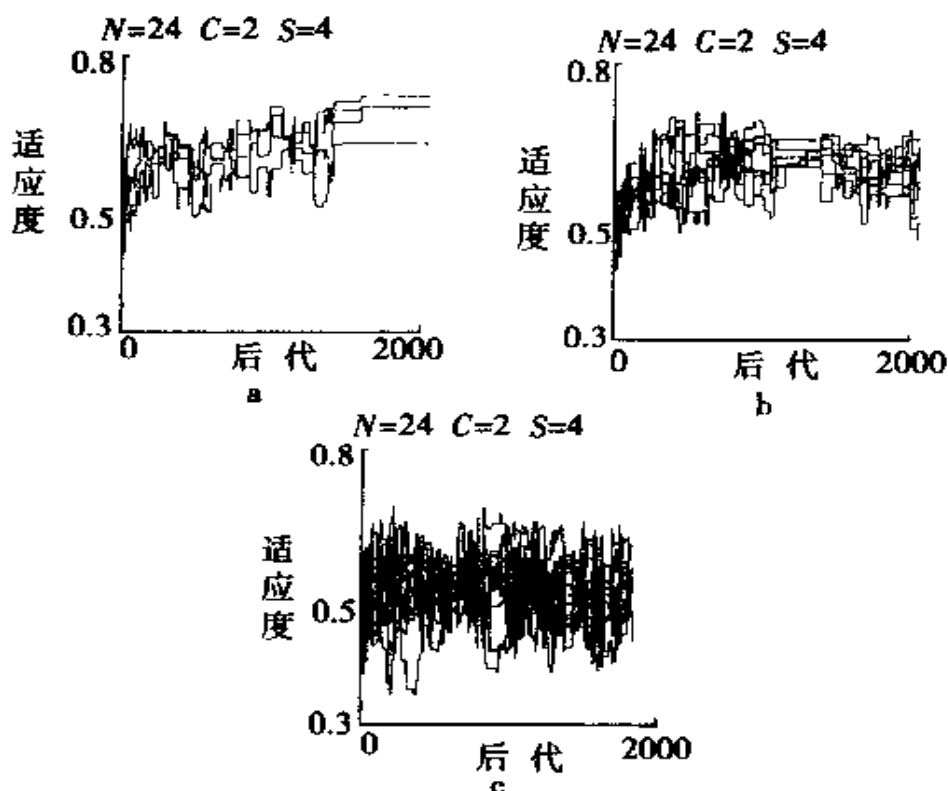


图 8.23 在模拟的生态系统中物种共同演化时所出现的有序和混沌。a 图中， $S=4$ ；b 图中， $S=8$ ；c 图中， $S=16$ 。 S 为物种数。当系统中只有四个物种时，所有的物种都会共同演化到适应度峰，而系统最终则会稳定在停止改变的平衡态上。这种共同演化的系统处在有序区域中。随着物种数的增加，平均适应度会下降，适应度的波动会随之增加。当演化到了第 8000 代时，便开始观察不到共同演化的稳定平衡态。系统呈现“红皇后”的混沌行为。



在图 8.23a 中, 4-物种的生态系统最终会稳定在适应度停止改变的状态上, 相当于一个有序区域或是一个没有改变的演化状态, 其中每个物种都演化到了其适应度景观上的一个局域峰, 这个峰与其生态系统的相邻所占据的峰是一致的。一旦获得了稳态, 只要每一个物种的近邻不改变, 这个物种就不会改变。相比之下, 在 8-物种的生态系统和 16-物种的生态系统中, 如图 8.23b 和图 8.23c, 当物种在混沌区域中演化时, 适应度继续你推我挤, 竞相上下, 每一物种都在其景观上追逐适应性峰, 并由于其他物种的适应性移动, 此物种在它自己的景观上滑下山峰比它爬到峰顶要来得快。

共同演化的 NK 景观模型最主要的一点是每一物种都能为了自身需要而调节它们的适应度景观结构, 就像是被一只无形的手调节一样, 调节的景观结构是为所有生物的共同利益服务的。这个玩具模型是迄今为止我所知道的满足以下要求的唯一例子: 生物调节着它们的适应度景观以致于所有的生物都在问题空间演化, 并在某种意义上, 它们能运用搜索机制自我连贯地搜索出这些空间。

以下是玩具模型怎样工作的。每个物种用单个的个体表示。由此, 可假定物种是等基因的, 但快速演化到更适合基因型的情况除外, 这种演化是当某一物种的一个更适合的突变从景观上的一个点步入另一个点时出现的。它在繁殖上将会很快超过它那些不是很适合的兄弟姐妹们。按这种限制, 我们可以说整个物种能在景观上的点与点之间跳跃。

每在计算机程序上移动一步, 以下的四个事件就有一个会发生, 前提条件是给定的物种是随机选择的。第一, 它可能什么也不会做。第二, 它可能会改变它的基因型, 而且它能更适合与它的生态系统近邻相互作用, 这样, 这个改变就会被接受。生物在它自己的景观上演化, 但很可能会改变其近邻的景观。第三, 生



物能通过增加 K 或减少 K 而改变其景观的崎岖性。当 K 增加时，景观会变得更加崎岖，而且多峰。只有当改变 K 引起的移动使得当前生物的基因型更适合时，这种移动才能被接受。由此改变适应度景观的崎岖性可以迅速地补偿给生物，而且还将被自私地接受。第四件事看起来很自私。一个随机的其他生物，如哥斯拉^① (Godzilla)，把它选来加入当前物种的生态位中。哥斯拉的一个拷贝，哥斯拉'，连接着哥斯拉的生态系统近邻，当哥斯拉'耦合了哥斯拉的生态近邻之后，变得比其更适合，那么，哥斯拉就会在它的生态位中灭绝，并被哥斯拉'取代。

按照第四个机制，如果因为 K 值的缘故恰好使得哥斯拉'有一个非常有利的景观崎岖性 (ruggedness)，那么这个好的景观崎岖性就会从最初的哥斯拉再复制到它的拷贝中。因此，好的景观崎岖性能通过自然选择在模拟的生态系统中传播，由此景观崎岖性也能演化。

看一看图 8.24 给出的结果。事实上，景观崎岖性确实演化到了一个适中的崎岖性上。在这个演化中，灭绝事件中的平均间隔急剧增加，灭绝事件的平均数量也减少了。从这点来说，由于景观崎岖性的共同演化的协调，留下来的所有生物都变得更适合了。而且，当哥斯拉'取代了不幸灭绝的物种之后，它的生态近邻发现它们自己正在与哥斯拉'发生相互作用。它们与哥斯拉'的相互作用可能不如与哥斯拉的相互作用，因此，它们也可能被取代直至灭绝。

简而言之，灭绝事件的雪崩能够发生。图 8.24 给出了其分布是幂律的，即有许多小的灭绝事件和少数大的灭绝事件发生。而且，即使一个新的物种能够得以存在，如哥斯拉'，它在新的生态位中也并非是一帆风顺的，它可能很快也灭绝了。但如果它能

^① 影片中虚幻的怪兽。——译者注

在生态位中坚持存活下来，它就可以很好地适应，避免遭遇灭绝的危险。图 8.25 表明物种的寿命分布也是幂律的。

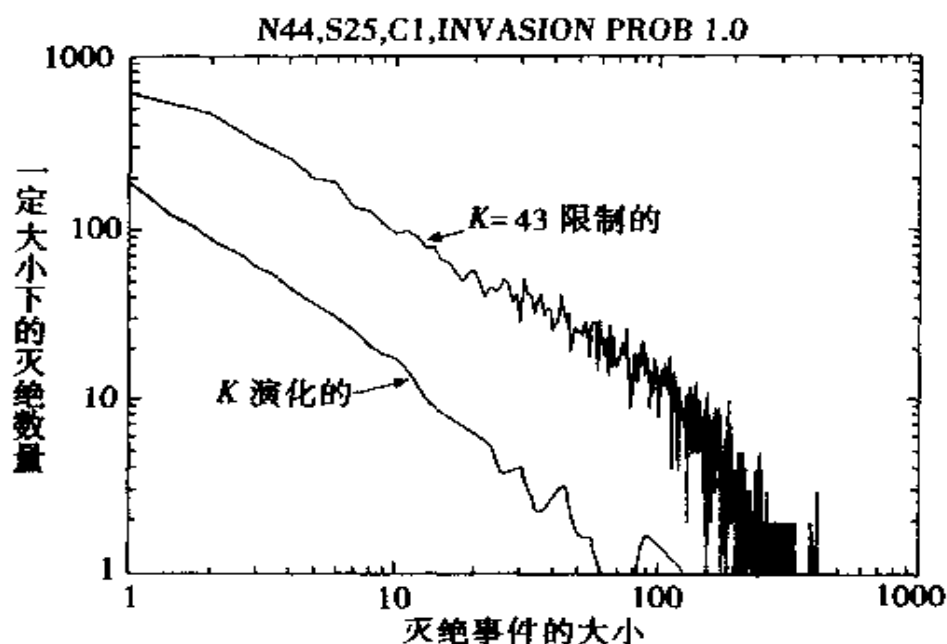


图 8.24 通过共同演化来控制的灭绝事件。在双对数坐标图中，横坐标是假设的灭绝事件的大小，纵坐标是每一灭绝事件下的灭绝数量。我们很容易得到一个幂律分布。图中，上面一条曲线给出的是人为地使得生态系统处在较大的 K 区域中 ($K=43$)。在这个区域中，由于各种冲突限制会使得适应度很低，因此灭绝事件的巨雪崩就会遍布系统。下面一条分布相应于系统中的景观崎岖性在一个较好的 K 值上演化， $K=22$ 。这时，灭绝雪崩会相对小一些和少一些，因此，物种的平均寿命也会相应地增加。有趣的是，在过去的 6.5 亿年里，根据有记载以来的灭绝事件，也明显地发现灭绝事件的大小和数量都在逐渐下降，而物种的平均寿命在增加。按照当前这个模型，演化很可能调节了景观崎岖性和景观之间的耦合。

这个模型表明有一只无形的手在调节着景观的崎岖性，其中自然选择仅对个体起作用。一般来说，经历了这么长的时间，所

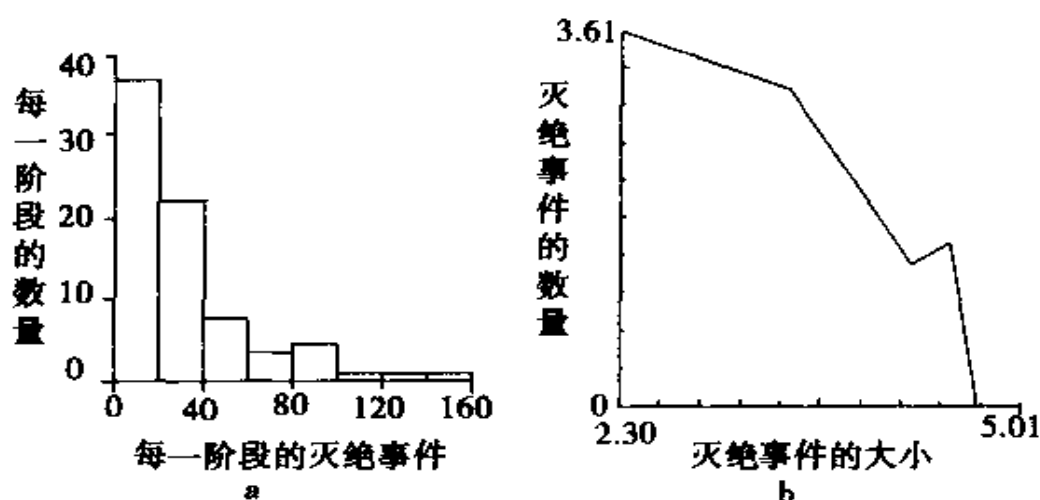


图 8.25 真实的数据。大卫·罗普 (David Raup) 按照不同种群发生灭绝的数量分析了真正的灭绝事件。a 图：从他的数据中可以看到许多小的灭绝事件和少数大的灭绝事件。b 图：当把这些数据以自然对数形式画在双对数坐标中时，虽然不能得到一条很好的线性的幂律分布，但近来的一些数据可以与幂律分布吻合得比较好。

有幸存下来的物种，它们作为游戏选手都是比较适合的，而且生态系统似乎呈现了自组织临界性，其中灭绝事件是幂律分布的，物种的寿命分布也是幂律的。

这个模型适用于真实的世界吗？有相当的证据表明，在过去的 6 亿年，有记载以来的灭绝事件的大小分布可以被很好地看做是幂律的，其中有许多小的灭绝事件和少数大的灭绝事件，这就是每 700 万年间灭绝的物种数而言的，而且物种的寿命分布，以及物种的种属分布都是幂律的（图 8.26、图 8.27）。

我之所以讨论我的模型，本意是想集中探讨这个事实，即共同演化能通过单独作用在个体上的自然选择调节景观的崎岖性，以使得这些景观能巧妙地首尾一致地通过搜索它们的生物及搜索机制而被很好地搜索出来。我们也能巧妙地首尾一致地共同构建

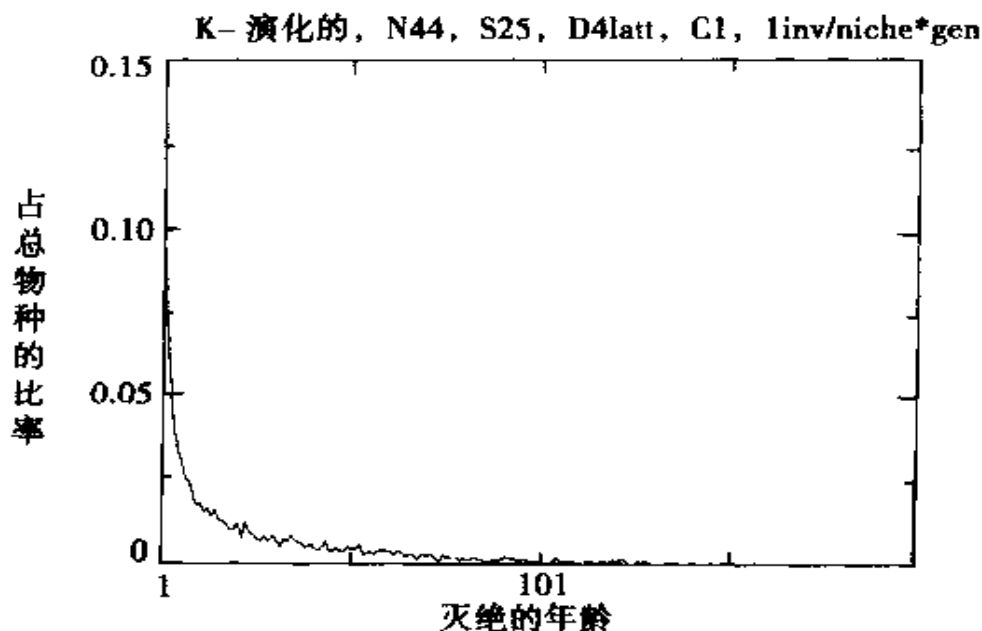


图 8.26 人工生命中婴儿的死亡率。横坐标表示模拟的物种发生灭绝的年龄，纵坐标表示在那个年龄，灭绝的物种在整个物种中所占的比率。这个模型是由考夫曼和诺依曼设计的。这个分布与图 8.27 中真实的种属 (genera) 的分布类似，都是幂律分布。大多数物种和种属在很年轻的时候就死亡了，只有少数能存活较长时间。

我们自己、构建我们的生态位（问题空间），构建我们的搜索机制，也许我们早已经这样做了，于是，我们就能繁衍我们的子孙后代。这已经延续了 48 亿年了。如果我们搜索不到我们的适应度景观，今天我们就不会存在于此了。当我们大家四处奔波时，我们共同构建了我们的谋生方式，搜索出了最好的谋生方式。

NK 模型仅是有关共同演化的有机体以及它们的耦合变形的景观的一个很粗糙的模型。一般来说，每个有机体的性状要受到许多基因的影响，如以前所讨论过的多雌性基因，而每个基因又影响着许多性状，如基因的多效性。有趣的是，有机体将会演化到一个低于生物真实性但又接近生物真实性的位置（生物真实性

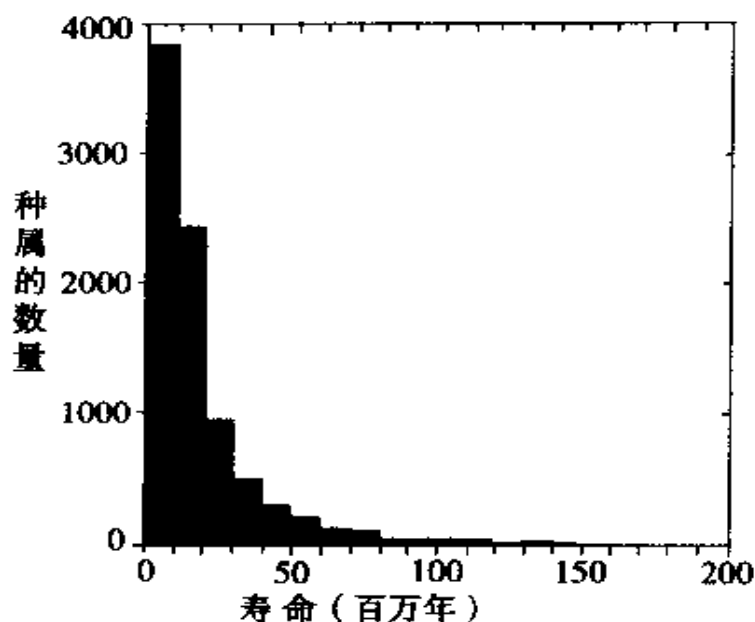


图 8.27 海洋生命的死亡率。将海洋生物中脊椎动物和无脊椎动物的化石数量按照它们的寿命长短排列，我们发现大多数的种属很年轻就死掉了，而在图的右边留下一条长长的尾巴。

比较类似于 K_{sat} 相变)，从这个位置很可能可以得到渐进论，并能如达尔文所说的以及如我们所观察到的那样持续演化。不论是渐进论，还是演化能力，都与指定 V 个变量的真假以满足 K_{sat} 标准选言形式有关。如果有相互连接的路径可以通过指定 1-汉明突变的近邻后，满足标准选言形式，那么通过改变基因型就随手可得适应性路线了，而且所有这些路线大致都可产生相同的有机体。渐进论便由此应运而生。多雄性和多效性协调着景观的崎岖性和可变形性，这又将共同演化的动力学调节到一个生态系统的自组织临界状态。

简而言之，几乎还没有一个定律能解释累积复杂性的共同演化的构建，看起来这种共同演化是自组织临界的，NK 共同演化模型并不仅仅只是展现了模拟的生态系统可以出现自组织临界行为的惟一例子，巴克和他的同事们，还有里卡德·索列 (Ricard



Sole) 以及其他人已在这个方向创建了非常完美的模型。尤其是, 索列的模型与所观察到的幂律分布的斜率 (斜率为-2) 可以吻合得非常好。

候选定律之四：以自组织临界方式向相邻可能的膨胀

生物圈是怎样在化学、形态学和行为学的层次上创造了相邻可能并持续进入相邻可能的?

我怀疑有一个普适定律, 并且在上一章的最后一节也曾提过, 这便是我所希望的适用于自我构建生物圈的热力学第四定律。我们进入了相邻可能, 并尽可能快地扩张我们生物圈的工作空间。

回顾诺亚的容器实验, 每种物种取两个, 置于搅拌器中, 破坏所有的细胞膜, 将 1×10^5 种物种的 1×10^{12} 左右的蛋白质与成千上万的小分子代谢物混合在一起, 于是超临界的化学多样性就会突飞猛进地增长。我曾说过, 生命学会了避免遭此厄运。细胞是亚临界的, 如果不是这样, 那么恰巧进入蕨类植物弗莱德里卡 (Fredricka) 细胞内的任何一个新化学物质都会造成新分子物质合成的级联, 其中有一些可能会杀掉可怜的弗莱德里卡。最好的防御措施是什么? 呆在亚临界别动。为什么非要同那些乱七八糟的东西混在一起呢?

但请记住, 混合微生物群落可以通过增加微生物的多样性以及/或者用足够多的新的小分子物质冲击群落来到达亚临界-超临界边界。我认为, 如果群落是超临界的, 新的级联分子物质将会杀掉某些微生物, 因此最好将群落降低到亚临界区域。另一方面, 突变和新物种的加入可以将群落推向超临界区域。混合的微生物群落一直在亚临界-超临界的边界上徘徊吗? 我们已经弄清



了限制一个群落的复杂性的其他原因，包括本章所说的 K_{sat} 问题。因此有一个比较好的问题是：微生物群落能达到超临界吗？如果是这样，它们经常逗留在边界线附近吗？

当然我也不知道，但这个假设是可测试的。增加物种的多样性，然后测试合成的小分子的多样性，如通过气相层析仪。我和我的一个同事设计了这样一个实验：用不断增加的藓类植物的混合物来测量演化着的气体物质的分子多样性，它是群落多样性以及引入到群落中的气体物质的多样性的函数。然后我们就去滑雪了。我很喜欢这种实验的思维方式，直接用混合的微生物群落也可完成这个实验。

就如前一章所说，在进入相邻可能时一定存在相互影响作用，它利用自然选择能淘汰失败者这一能力来控制着进入相邻可能的膨胀。我描述过艾根-舒斯特的差错致灾假说，如果病毒种群中的突变速度很慢，通过接下来为数不多的几次成功突变，种群将稳稳地上爬，最后被限制在局域峰附近。

若让突变速度增加，峰上的种群会由于突变的快速积累而变形，并从峰处扩散到不太适合的洼地。与适应度峰的选择利益相比，或是与适应度景观上相邻的值相比，调节突变速度实质上就是在调节这种差错致灾。若适应度景观上相邻的值大于峰处的选择利益与突变速度的临界比值，种群则仍在峰附近。如果突变速度比较快，种群则会扩散到高维腹地，在序列空间中迷失方向。

当然，差错致灾很普遍。艾根和舒斯特考虑了一个固定的高维序列空间，比如我们的 N 维布尔超立方体，就可看做是序列空间，其中分子只有两种“核苷酸”0 和 1，它们分别代表胞嘧啶 C 和鸟嘌呤 G。

然而，不断地向相邻可能膨胀，不断地扩大概率空间又是怎样一回事呢？这里新概率的膨胀速度必须是渐进的，这可以使得自然选择淘汰失败者，否则生物圈作为一个整体就会快速地发展



新的谋生方式，于是选择就不能控制膨胀，我们也将迅速覆灭。

因此必须获得一个总的平衡。我们根据不可预先有限描述的有意识演化提出了相邻可能——我一向这么认为，并也在尽我们所能地致力于此项工作，我们控制着我们进入相邻可能的膨胀速度。

对于整个生物圈，这似乎意味着我们进入相邻可能的速度与我们逃避它的速度是一样的。平均而言，生物圈总的多样性长期以来一直在增加。事实上，若能知道 18 亿年里微生物的多样性到底发生了什么变化，这倒是一件非常有意思的事。无处不存在吃岩石的细菌——地表下的 3.2 千米处、热排气阀里、南极地带的冻层里和湖边上，等等。

我并不知道控制这种膨胀的定律形式是什么。也许在群落中它局部上是自组织临界的，并随着生物圈中实际上相互独立的局域群落的增加而增加。不过我可以假设一个定律，其中相邻可能是可以达到的，以使得多样性和共同构建的共同演化的复杂性能尽可能快地积累。

我似乎已经预感到了适用于自主主体的自我构建系统的热力学第四定律。平均而言，生物圈在尽可能快地扩张它们的工作空间、下一步所能发生的多样性、现实与相邻可能……这些线索中包含了这样的事实，当生物圈的轨道遍历所有微观态时，为了让 $6N$ 维相空间的相邻可能增加，那么微观态体积的对称性破缺必须长期增加，以至于不同的子体积进入不同的相邻可能微观态。最终，这些子体积会受到海森堡测不准原理的限制。我说过，有机体在我们人为创造的有微妙区别的整个空间中确实受到了这个原理的限制，比如基因的开闭、嗅觉传感器的开启以及眼睛的睁开等。

整个这一章都是为了说明自主主体在尽可能地共同演化到创造最多样化的区别和行动，利用最不可预期的有意识演化获取利



益，尽可能轻易地共同演化来构建这不断发展的多样性，这也是达尔文所称之为的“缤纷的河岸”，而且将来也仍将是。我似乎预感到了第四定律，其中生物圈的工作空间在共同构建的生物圈中尽可能快地膨胀。

适用于生物圈的第四定律？但愿是如此。



第九章 持续创新的经济圈

经济学 (economics) 和生态学 (ecology) 有着相同的希腊字根 “oikos”^① (居所), 这绝非偶然。生态学和经济学在本质上是一样的。能人^② (Homo habilis) 和直立人^③ (Homo erectus) 的经济, 以及 1.4 万年前由于冰川作用当一些体形庞大的野兽们退避到法国南部时, 克罗马农人^④ (Cro-Magnon) 的 Magdalinian 文化——一开始使用令人叹服的燧石工具, 还有美索不达米亚 (Mesopotamia) 文字的发明和传播、古希腊的集市、今天的全球经济, 从深层意义上来说, 它们都是在发展越来越多的贸易形式, 这种贸易形式其实最早源于 40 亿年前的第一批自主主体和它们的群落。

经济学与媒介以及自主主体间贸易互利的出现是有一定渊源

① 生态 (eco) 的希腊字根是 oikos。——译者注

② 能人生活在距今 160 万—220 万年前。最早的能人化石是 1960 年在坦桑尼亚奥杜威层位 I 发现的小孩顶骨、下颌骨、手骨以及成人的锁骨、手骨和足骨。1964 年被定名为能人。后来, 在肯尼亚和南非也发现了能人化石。——译者注

③ 直立人: 生活在距今 20 万年前—200 万年前, 地质年代为更新世早期至中期, 考古期属于旧石器时代。直立人的祖先最有可能是能人。——译者注

④ 克罗马农人: 在 3.5 万年或 4 万年前出现于欧洲, 是第一种看来像现代人的入种。在智力上和文化上都超过以前的人种, 有优美的艺术作品。真正的现代人则是约在 3 万年前出现。——译者注



的。贸易互利在人类经济出现之前就已经存在了，可以说贸易互利是伴随着这个地球上生命的出现而出现的。你可以在豆科根瘤与真菌、糖类与氨基酸所携带的固氮的代谢交换中找到贸易互利；你可以沿着 40 亿年前的地球海岸在混合微生物群落和藻类群落中找到贸易互利。经济圈中的贸易只是生物圈贸易的副产品。

我们一向将经济学看做是配置稀有资源的一门科学，这样做其实缩小了它原本所包含的范围。我们不妨换个角度来看它，就会很容易发现经济最可怕的特征以及它的自主主体根源：经济圈最可怕的特征其实和生物圈最可怕的特征一样，都是由自主主体群落在它们玩耍、谋生等这一系列活动中构建的，这个可怕的特征是分子和有机体不断发展的多样性，是持续进入相邻可能膨胀的新的谋生方式的多样性。在生物圈里你会发现无以数计的怪事：有机分子竟然从十几个变到几十亿个，自主主体也从一个或几个发展到上亿个，而且生物圈中实际的物种数几乎是它的上百倍甚至上千倍，因为又开始不断出现生物灭绝事件了。

直立人发明了火种和早期的工具。能人在 160 万年前就开始懂得交换石斧。法国南部的克罗马农的商品和服务在 1.4 万年前已有了上百种，或许上千种。到如今，商品和服务以及谋生方式已经数以百万计了。

生物圈和经济圈都不仅仅只是有限资源的配置，它们是宇宙无限创造力的表达，是我们这些在分子上、形态上、技术上以不可说明、不可预言的方式持续进入相邻可能的自主主体们的无限创造力的表达。工作与工人在日趋复杂的经济圈中共同演化并存在。

当前存在于经济理论中的一个显著事实便是它无法解释商品和服务以及谋生方式长期以来一直在多样化的原因。我们还没有形成一个理论解释生物圈和经济圈中这些明摆着的事实，这难道



一点也不奇怪吗？我们集思广益、群策群力，却仍没悟出世界的哪怕只是其中的一个具有深刻内涵的特征，这难道也不奇怪吗？当前最全面的理论——也是现代经济的基石——就是阿罗（Arrow）和德布鲁（Debreu）的“一般竞争均衡理论”^①，尽管它触及了以上一些奇怪的现象，但它没有而且也不能解释这种迅猛增长的多样性（说不定这种迅猛增长就是经济最重要的特征）。

一般竞争均衡理论和它的局限

我们先简要介绍一下一般竞争均衡理论，因为它毕竟是现代经济的框架。肯^②是我的一个朋友，作为这个框架的发明者之一，与其说他是步了几代经济学家的后尘，还不如说他是一个批判家。我对肯的观点的理解就是如果将经济看做一个整体，一般竞争均衡是目前惟一的一个总的框架。不过肯怀疑这个框架是不完全的，我也有此想法。

一般竞争均衡源于这样一个核心问题：如何形成价格，市场才可以“结清”（clear）。在此有必要引用著名的适用于单个商品的供需曲线。如图 9.1， x 轴代表不断增长的价格，供应是价格的函数，用 y 轴表示，供应沿坐标轴方向由低到高增加。如果某一小玩意儿的价格升高了，那么许多公司都会来生产这种小玩意儿，另一方简，需求（也用 y 轴表示）会随着价格的升高而降低，因为很少有顾客愿意在小玩意儿的价格升高了时买它。

如图所示，供需曲线相交于某个价格处，在这个价格，市场彻底“结清”了，即所有生产的小玩意儿全被买断了。市场结清处的价格称为“均衡价格”。

① 现代经济学的一般竞争均衡理论是关于市场价格作为资源配置机制的最基本理论。 译者注

② 对肯尼斯·阿罗（Kenneth Arrow）的昵称。 译者注

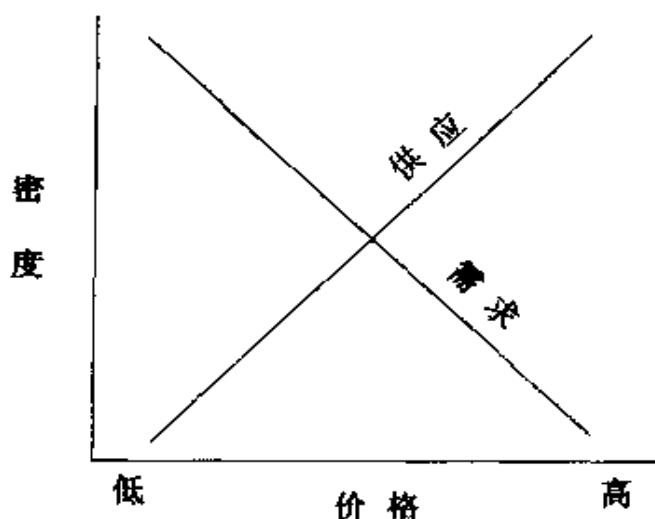


图 9.1 单个商品的供应与需求曲线。供应曲线作为价格的函数在上升，需求曲线作为价格的函数在下降。交点处是平衡价格，在这一点，供需平衡，市场结清了。如果市场中有很多交互联系的商品，那么市场的结清将会变得更复杂。

如果只有一个商品，问题自然很简单。但若是换成面包和黄油会怎样呢？我们许多人都喜欢将黄油涂在面包上，那么我们对黄油的需求不仅依赖于黄油的价格和供应，也依赖于面包的价格和供应。反之亦然，对面包的需求也依赖于黄油的价格和供应。若是有成千上万种商品，那么其中任何一件商品的需求与供应都依赖于其他许多商品的价格，由此似乎很难为每一件商品都找到一个合适的价格使得整个市场恰好结清。

糟糕的是，今天对面包的需求与供应到了明天又会变得大不一样。而更糟糕的是，明天对面包的需求与供应又将依赖于各种出乎意料之外的情况。比如，如果严寒冻死了冬麦，那么面包的供应量就会下降，或者由于全球的气候原因或改进的灌溉措施与农用技术使得冬麦获得了丰收，那么面包的供应量又会上升。

阿罗和德布鲁采取了非常明智的举措。他们考虑了一个空间，其中包含了所有可能的注有日期的视条件面定的商品。他们

举了一个例子说明这种注有日期的视条件而定的商品：2008年5月2日，送往芝加哥的1吨小麦，其条件是内布拉斯加州（Nebraska）连续6个月来的平均降雨量比过去50年的常规降雨量少10%，并且去年波士顿红袜队（Boston Red Sox）赢得了世界棒球锦标赛。

在阿罗-德布鲁的理论中，我们可以假想有一个拍卖商，他打算在一个确定的时间，如今天早晨，举行一个拍卖会，拍卖所有可能的注有日期的视条件而定的商品。所有的供应者和顾客都聚集在这个假想的拍卖会上，为所有这些商品投标喊价。当然事先对各种不同的商品的出现概率都做了不同的假定，并计算了它们的价值。假定经过一个小时的疯狂的讨价还价之后，拍卖会结束了。所有的参与者都对买或卖这些商品签了合同，每一种商品都有了一个固定的价格。然后每个人飞快地回到家中收看《早安，美国》（Good Morning America），不过非常奇怪的是，不管内布拉斯加州的未来天气情况如何，是否有雨或者天晴或者下雪，合同是定下来了，而且每一份合同都按照预先设定好的价格履行了。于是整个市场也结清了。

阿罗和德布鲁所给出的这个结果不禁令人瞠目结舌。解决以上问题的核心办法依赖于数学家们所说的“不动点定理”。就拿你的头发来说，尤其是男士们，他们的短发可以使得很容易看到不动点。你若按照一般的发型梳理你的头发，那个点在你的头顶上，且稍微偏后一点，头发绕着那个点大致呈漩涡分布，而且在那个点会露出一点头皮（秃头除外）。

我们将这个定理推广，假定头发分布在一个球形表面上，你以你喜欢的任何一种方式梳理头发。你始终无法避免一个不动点。若将头发用箭头符号表示，每一个箭头符号是一条直线，箭头标于直线的一端处，从球形表面发出。如果你喜欢的话，箭头符号也可以弯曲。每一个箭头符号都可看做是一种映射，即从箭



头符号尾端球上的点映射到箭头符号顶端球内的点。因此箭头符号实际上是从球面到球自身的映射。对于一个连续映射，球面上的每一个点，由不动点定理证明至少有一个点要映射到自身——在箭头符号的映射中，那个点就是一个不动点。

阿罗-德布鲁的一般竞争均衡理论就依赖于这样一个不动点。在一个空间中，若所有可能的注有日期的视条件而定的商品都可被预言，那么所有可能的用于交换这些商品的市场便存在，那么也一定存在一个不动点，在相应于某个价格处，所有的市场都可结清，也不管未来如何发展。阿罗和德布鲁因为他们的工作而获得了诺贝尔奖，他们也无愧于此殊荣。这个理论的确太美妙了。然而对于一般竞争均衡理论也有不少中肯的批评意见，如这个理论依赖于“完全的市场”，即市场要交换掉所有注有日期的视条件而定的商品，因此一些卓越的经济学家们提出了这样的置疑，如果市场是不完全的，这个理论怎样才能有效工作。而事实上市场就是不完全的。

与此同时，我也提出了一些我的看法。在过去的上百万年里，经济的一个总的特征就是它长期在增加商品和服务的多样性，从十几种增加到了上百万种，甚至更多。这是一般竞争均衡理论所无法解释的。而且这个理论根本就没有谈到商品和服务在多样性上的增长，因为一开始它就假定我们能有限地预言所有可能的注有日期的视条件而定的商品。由此，这个理论用到了完全的市场和不动点定理来证实存在这样一个价格使得市场可以结清。

但我们完全有理由怀疑我们能有限预言所有可能的有意识演化，不论这些有意识的演化是新的有机官能团还是新的商品，总之，它们出现在生物圈或经济圈里，就像 6000 万年前的某个星期五葛楚德从松树上那可怕的一跃竟使她学会了飞翔，或者就像从事拖拉机设计的工程师们猛然意识到引擎装置自身就可以作为

底盘。

我一刻也未曾相信我们能有限地预言所有可能的商品和服务。事实上经济学家们在直觉上是知道这一点的。他们区别了一般的不确定性和“奈特（Knight）不确定性^①”。一般的不确定性是我们所熟知的概率理论中的随机扔硬币的不确定性，比如我就不能确定扔 100 次硬币后是否一定有 47 次面朝上 53 次面朝下。当然，由于各种各样的原因，若能有限地预言可能的结果空间，我便能计算出任何一个结果出现的概率。

奈特不确定性关注的是我们并不知道可能的结果的时候。奈特不确定性依赖于经济学和其他领域中认识论上的不舒适空间。为什么？因为我们还没有意识到我们不能有限预言生物圈或经济圈的位形空间；相比之下，牛顿、拉普拉斯、玻尔兹曼、爱因斯坦以及玻尔，他们都或多或少地预先假定我们能有限预言有待进行科学研究的任何一个领域的位形空间。毕竟，我们能够而且也确实预言了 N 个气体粒子的 $6N$ 维位形空间。

看来，阿罗-德布鲁理论从根本上来说是有瑕疵的。

一般竞争均衡理论一直被看做是经济理论的巅峰之作，不过它也存在局限。到目前为止，仅就经济所关注的市场结清处价格的建立而言，一般竞争均衡理论是一个杰作。但就经济所关注的而且应该关注的经济是怎样增长了商品和服务的多样性以及它为什么能增长商品和服务的多样性而言，这个占统治地位的理论就不能称其为一个成功的理论。并且由于过去上百万年里人均财富的增长与技术、商品和服务的多样性的增长是密切相关的，因此现代经济很显然是不充分的。

^① 在阿罗-德布鲁的一般均衡分析框架中，不确定性被描述为“状态空间”里的可能事件。但是如奈特（Frank Knight）早就指出的，真正的不确定性是不能描述为风险事件的概率分布的，前者是不可重复的事件，而后者恰恰建立在事件可重复发生的基础上。译者注



我们需要一个理论来解释新的商品和服务的存在与旧的商品和服务的消失，就好像生态系统中新的物种的突现与旧的物种的灭绝一样。在前一章我们讨论了生态系统的自组织临界性，讨论了生物圈和经济圈以自组织临界方式向相邻可能的膨胀，在自组织临界中，会出现许多小的和少数大的物种形成与灭绝事件的雪崩。我们讨论了生物学史上灭绝事件的幂律分布，我们也讨论了物种和属性的寿命的幂律分布。

经济圈类似于物种的形成和灭绝事件。还是那个我比较喜欢的例子：汽车的出现取代了马的地位，马作为一种交通工具从此便退出了历史的舞台。随着马的消失，马房、马车、马厩、马蹄铁、马鞍、驿马邮递也大势已去。而伴随着汽车的出现，交通建设、石油化工业、汽车旅馆、快餐店以及郊区也如雨后春笋般涌现了。澳大利亚的经济学家熊彼特（Joseph Schumpeter）把这种现象称为“创造性破坏风暴”，其中旧的商品消亡了，新的商品诞生了。有人打赌熊彼特的“创造性破坏风暴”一定会呈现幂律分布，其中有许多小的雪崩和少数大的雪崩。而且，如果物种和属性确实存在寿命的幂律分布，那么公司会怎样呢？公司也必定会呈现一个寿命的幂律分布，大多数的公司开张不久便倒闭了，只有少数公司才能维持较长时间。我们敢打赌技术也会呈现类似于物种的形成和灭绝性雪崩一样的一个寿命的幂律分布。

这些类似的观点太诱感人了。虽然遗传变异的机制不同，选择的标准不同，但是生物圈中的有机体与经济圈中的公司和个体都在忙于谋求生路和探索新的谋生方式。在这两种情况下，对于日益增加的多样性，其演化的共同创造和共同组合都存在令人迷惑不解的条件。生物圈和经济圈在持续地变换，持续地发明，持续地灭亡，持续地进展，总的来说，生物圈和经济圈在持续地多元化。我们必须将一般竞争均衡的核心视点融入到一个多元化的商品和服务的框架中，一般竞争均衡作为一个近似的短时间



标度机制，它在经济发展的每一阶段都获得了市场的一个将就的近似结清。举一个粗略的假想的生物学上的例子，它在形式上比一般竞争均衡理论更加宽松一些，这说不定可以帮助大家理解市场结清。考虑两种细菌，红色的和蓝色的，假定红色细菌分泌红色代谢物，并且它可以牺牲自己的代谢值以提高蓝色细菌的复制速度，而蓝色细菌分泌一种不同的蓝色代谢物，它也可以牺牲自己的代谢值以提高红色细菌的复制速度。于是互利共生的条件就成熟了。简要的说，如果蓝色细菌对红色细菌的帮助比它自己所牺牲的还要多，反之亦然，那么蓝色细菌和红色细菌的混合群落就得以生成。然后将会发生什么？在蓝色代谢物和红色代谢物之间是否存在一个最优的“交换速度”，而且类似于价格？

这是能够发生的，而且也确实发生了。以下是一个臆想实验：有一组有序的蓝色突变型基因，它能分泌大量不同的蓝色代谢物，且代谢物对红色细菌有帮助。每个蓝色细菌每分钟可分泌1到100个分子，蓝色细菌所牺牲的代谢值正比于它所分泌的分子数。红色细菌也一样，突变型的红色细菌也可以分泌1到100个分子，其代谢物对蓝色细菌也有用，同样，牺牲的代谢值与分泌的分子数成正比。

现在设计一个大的方形培养皿，培养皿有100个行和列，刻度标在塑料底板上，便于做实验。对于行，从1标到100，对应于蓝色细菌每秒分泌了1到100个分子。再来看列，同样从1标到100，对应于红色细菌每秒分泌了1到100个分子。在方形培养皿的 100×100 的每一个小格中，放置一个红色细菌和一个蓝色细菌，它们都有相应的分泌速度。这样，在左上角，放着分泌较少分子的蓝色细菌和红色细菌，在左下角，放着分泌较多分子的蓝色细菌和分泌较少分子的红色细菌，在右上角，放着分泌较少分子的蓝色细菌和分泌较多分子的红色细菌，而在右下角，放着分泌较多分子的红色细菌和蓝色细菌。



然后去吃你的午餐和晚餐，直到第二天再来看它。总体来说，在1万对放在一起的红色细菌和蓝色细菌中，虽然所有的1万个菌落都得到了增长，但是其中有一对将会增长到具有最大混合程度的红-蓝菌落，比如说，这个最大的混合的红-蓝菌落相应于红色细菌每秒分泌34个分子，蓝色细菌每秒分泌57个分子。

这个臆想实验很重要，因为红色细菌和蓝色细菌的交换比率类似于价格，类似于橙子与苹果的交换比率。而且这个比率，即红色细菌每秒分泌34个分子，蓝色细菌每秒分泌57个分子，它最大化了混合的红-蓝菌落的增长。由于最快的红-蓝混合菌落成指数增长，自然要比其他菌落增长得快些，从而在这个臆想实验的培养皿中占主导地位，因此这种红-蓝对构成了系统中的“价格”，价格为34个红色分子比57个蓝色分子。而且在这种最快的红-蓝菌落中，即红色细菌每秒分泌34个分子，蓝色细菌每秒分泌57个分子，红色细菌和蓝色细菌都在以相同的最优速度复制。如第三章所述，我们可以将生物学映射到经济学，细菌的复制速度相应于经济效用，增加的复制速度相应于增加的经济效用，红色细菌和蓝色细菌不仅形成了价格，而且它们还沿着埃奇沃思盒中的帕累托效率的契约曲线平等地分享着贸易互利（见第三章）。

生物圈中的共生生物百万年来不断地破坏价格均衡，它们就一直这样做着，尽管没有深谋远虑，尽管并不知道阿罗-德布鲁的不动点定理。事实上，就在万物们破坏价格均衡的同时，有意识的演化和新的谋生方式出现了，旧的谋生方式则消亡了。也许我们是可以获得生物上的价格均衡的，因为从眼前观点来看，这些价格均衡最优化了共生生物的适应度。市场结清了，这意味着每秒钟有34个红色分子和57个蓝色分子发生了交换。不过这是自组织临界的，伴随有生物圈和经济圈中物种形成与灭绝的大大小小的雪崩。不论是否存在均衡价格，对于我们来说，不会再对大多数物种和技术、工作和工人的贸易互利含糊不清了。



虽然是以局部的且将就的方式形成了价格的概念，但我仍很高兴，毕竟这种价格是在生态系统中或在经济系统中的许多点处形成的，不像一般竞争均衡只适用于不动点定理。细菌和蕨在它们的互利共生中不断地建立价格均衡，而且预先并没有指定谋生方式空间，如果它们都尚能这么做，那我们人类就更不用提了。自我们跌跌撞撞地得以存在以来，在缺乏预先定义的地位空间的情形下，在此方面的进展一直成为自主主体涌现的源泉。

理性预期与其局限

一般竞争均衡理论还有一个很重要的延伸，我们称之为“理性预期”^①，就像一般竞争均衡理论一样，这个理论也很美妙，但也有瑕疵。

理性预期产生的部分原因在于试图理解证券交易中的实际交易。在一般竞争均衡理论下，很少有交易发生，股票价格也只是在它们的基本价值附近波动，我们一般将其理解为未来证券市场总收入的折现值。但事实上出现了大量的交易活动以及股市“泡沫”。理性预期理论又是建立在另外一个不动点定理之上。理性预期理论假定有一群经济主体对经济的运转有着强烈的信念，主体将它们的经济活动都基于这些信念之上，于是存在一个不动点，在这个不动点处，给定了经济主体对于经济的信念后，主体的活动完全可以创造预期的经济行为。因此，在理性预期下，你就不难理解何谓之痴心妄想了，不难理解有些人坚信价格将要超出基本价值，然后开始投资，并且他们的投资可以在一定的时间内支撑他们的梦想。

① 理性预期：经济当事人为了避免损失和谋取最大利益，会设法利用一切可以取得的信息，对所关心的经济变量在未来的变动状况做出尽可能准确的估计。译者注



与此同时，我们总认为经济人（homo economics）具有无限理性。在阿罗-德布鲁的例子中，这些具有无限理性的主体讨价还价之后，为每一样注有日期的视条件而定的商品都找到了一个最好的均衡价格。在理性预期中，主体推测出了经济在怎样运行，并认为所预期的经济系统就是将要出现的经济系统，然后便以这样的方式开始行动。理论与主体的活动自我连贯地创造了一个符合这些理论的经济。主体们就按照这些理论操作着。

尽管这些不动点定理都很完美，但在理性预期的框架中仍有两点疑问。第一，这些漂亮的不动点对主体行为中出现的一些微小波动是不稳定的。在这些波动下，经济系统会不断地从不动点跑到“无人的荒野”。第二，要想获得不动点就得要求有过多的理性来符合真实的人类主体，因此有必要延伸理性预期。

30年前，经济学家西蒙（Herb Simon）引入了“追求满意”（satisficing）与“有限理性”^①（bounded rationality）的概念。这两个概念看起来都很合理，但却一直存在争议，追求满意认为主体并没有做到最优化，但已经做得相当好了，不过这个概念是很难说得清楚的。我们也很难在有限理性的概念上有所突破，因为变得无限聪慧只有一种方法，而变得无限愚蠢却有无数方法。是什么决定了可以有限愚蠢的模式？经济理论该如何进展？

自然理性是有限的

我猜想可能存在一个理性预期的自然延伸，它适用于人类以及任何其他重要的主体。我们报道过一大堆的工作，这些工作我只是提出了一些建议，大部分都是由文斯·达利（Vince Darley）

^① 西蒙认为现实生活中的人是介于完全理性与非理性之间的“有限理性”状态。——译者注



在做他的博士论文时完成的。经过我们的共同努力，我们为无限理性找到了一个自然界限，为追求满意找到了一种自然意义。

对人类主体而言，其核心观点就是，假如你有一些事情要做，比如通过这个月的谷物价格预测下个月的谷物价格。而且你的手头上已经有 20 个月的价格数据。我们都知道著名的傅立叶分解：绘于黑板上的任一曲线，我们对具有不同波长和相移的正弦波和余弦波加权和后，能使曲线逼近任意的精确度，正弦波和余弦波是从包含所有可能波长的无数个正弦余弦函数中挑出来的。

现在，你可以用一个傅立叶“模式”（即平均价格）来“拟合”谷物价格的数据。但是如果 20 个月价格的变动非常大，那么这个平均价格就不能很好的预测第 21 个月的价格。你“欠拟合”了数据。你也可以用 20 个甚至更多的傅立叶模式，它们包括了所有不同的波长和不同的相移，于是在前 20 个月的相邻两个点之间你不用再画一条直线了，但这样做对你预言第 21 个月的价格并不会太大的帮助，因为用了太多的傅立叶模式，你“过拟合”数据了。

预言第 21 个月的价格，最好的办法是只用 2~5 个傅立叶模式，每一个模式都具有不同的波长和不同的相移，这只是大家再熟悉不过的一种技巧，你既没有“欠拟合”数据，又没有“过拟合”数据。

这表明预测短序列数据的最好办法是采取具有适中复杂性的模型，仅用几个傅立叶模式，既不是一个，也不是许多。文斯和我所主张的这种有限理性是指有限时间序列上的最优预测可通过仅用少数几个傅立叶模式获得，或者通过用一些类似于傅立叶模式的其他基组，但它们都具有适度的或有限的复杂性。

文斯和我所创造的这个理论的余下工作都是为了表明，主体彼此都有自己的理论，并且其自私的活动也是基于这些理论，这



些主体往往会创造一个持续改变的活动模式。因此，他们在持续地创造着一个不固定的世界，其中只有相隔较近一段时间以来的数据才有效。这样的理论所基于的有效数据总是具有有限数量的，反过来，主体总是在构建适度的且有限的复杂性，以避免“过拟合”或“欠拟合”这些本不很详尽的有效数据。

从这个意义上来说，自然理性受到了限制。它受到了限制是因为我们共同创造着不固定的世界。主体们总是在他们的理论指导下行动。但如果在某个时候，某个主体伪造了一个或多个其他主体的理论。这些主体要么顽固不化，要么就改变他们的理论。如果他们改变了第一个主体的理论，很显然他们也会改变他们的行动。反过来，这些改变将不再认可第一个主体的理论，或许也不认可其他主体的理论。因此主体们就会结束这共同演化的理论和行动，不再有不动点、稳态，这意味着一旦主体的理论发生了改变，他所预计的行动也会发生改变，那么他过去的行为对未来的行为将不再是一个好的导向。这也意味着主体们共同创造了一个“不固定”的行为的时间序列（不固定是指时间序列的统计特征在持续变化，因为主体们在一直改变他们的理论和行动）。当然，主体也只拥有为数不多的近期的一些数据，这些数据是保证他们下一个理论有效和可靠的基础。给定为数不多的有效的和可靠的数据之后，主体必须避免过拟合或欠拟合这些数量较少的数据。因此他们必须采用适度复杂的理论，如用 4 个傅立叶模式来拟合数据，不是 1 个，也不是 20 个。

文斯和我认为自然理性被限制在了适度复杂的模型上，因为我们共同持续地创造着不固定的世界。文斯在完成他的论文时，在他所创造的以主体为基础的计算机模型中，也确实观察到了这种行为。事实上，我们让主体演化，不论它们相互作用的历史有多长，也不论它们彼此的模型有多复杂——1 个傅立叶模式，或 4 个，或 50 个。主体在历史和复杂性空间里演化，试图找到当前



具有最优数量的历史和复杂性，以用于最优地预测它们的近邻。在我们这个小小的世界里，主体的演化仅用到了一段适中的历史（忽略遥远的过去）以及适度复杂的理论。

我们还找到了更进一层的性质，也许是一种属性性质，它可以驱使系统稳定下来，然后又以突然爆发的方式改变。当主体和行动的系統稳定到某个可重复行为时，一个更广范围的可供选择的理论（不论是简单的还是复杂的）都可吻合相同的数据。只不过那些有着许多傅立叶模式的复杂理论希望能预测可重复行为的精确细节。当这些理论变得越来越复杂时，它们也变得越来越脆弱，因为可重复行为中越来越多的小的波动都会否定它们。这种波动迟早会发生，因此，具有复杂的被否定理论的主体将会迅速地改变它们的理论和行动，形成一个理论和行动发生改变的巨大雪崩，这个雪崩席卷了整个系统，使系统远离了任何可重复的模式。

在这种新的情形下，只有少数理论符合当前的事实，因此主体理论的多样性和复杂性会骤然下降，系统又重新回到了某个可重复的行为。

简而言之，不仅在我们的理性中存在有限的复杂性，而且在我们共同的理论和行动中还有一个脆弱-稳定的周期性振荡。按照这种观点，主体和理论系统决不会稳定在某个不动点的均衡处，而且在这一点市场还可以结清。相反，系统会先离开契约曲线，然后再回到契约曲线附近一个新的点，如此往复，由此系统重复地在契约曲线附近波动，总也不会获得一个最优化的价格均衡，只会不断追求满意。

有限复杂性问题的适用于任何演化的自主主体，这些主体能相互创造理论，并将它们的行动基于这些理论之上。追逐猎豹的老虎，恭候三叶虫的海星，它们都是波普尔生物，它们都能形成有关它们世界的假设，这个假设有时也不成立。也许所有这些自主



体在持续的突变和选择下，最终将会选择具有有限复杂性的可改变模型。

我们试图超越经济学中的理性预期，虽然这些举措还仅仅只是一个开端，但它们一定大有前景。不论自主主体玩的是何种自然游戏或非自然游戏，当它们以及我们在生物圈或经济圈中共同演化时，在许多层次都会出现不固定性。在主体的理论以及基于这些理论的行动中我们已经看到了这一点。也许这只是世界如何工作的一部分。给定“好吃”和“难吃”的语义输入，并且实现狐狸与野兔、大肠杆菌与草履虫的自然游戏后，也许这些改变着的理论和行动就是市场、大草原和小池塘组织形成的部分原因。

当我们共同有意识地演化时，我们共同创造着这个世界的不固定性，正是它使得自然理性有限了。

技术图与经济网

生活总是以不可预期的方式在出现。我是一个搞学术研究的科学家、生物学家，30年来我到过芝加哥大学、国家健康研究机构、宾夕法尼亚大学，也包括在圣菲研究所所度过的愉快的12年。30年来我写了上百篇的科学论文，这些论文也都得到了大家的公认，我也很荣幸地获得了麦克阿瑟（MacArthur）基金，在基金支持的5年间我的IQ值呈直线上升，基金一结束，我的IQ又一落千丈。这些年来，我发明了不少东西，也为它们申请了专利，我还出版了两本自认为不错的书：《秩序的起源》和《宇宙为家》，这两本书都是由牛津大学出版社出版的。

《秩序的起源》和《宇宙为家》都是对达尔文主义的挑战，它们在很大程度上试图用自组织和自然选择的融合来延伸达尔文主义，并用它们来解释进化论，这种融合的观念很新颖，几乎难以理解。毕竟达尔文之后的150年里，我们对适应性系统仍只是



略知一二。如果有的话，到底是什么原理支配着像生态系统或英国的普通法这种复杂系统共同演化的集聚？在英国的普通法中，法官的一个新判决会以各种方式改变先例，这些方式如同大大小小的雪崩一样冲击着整个法律系统。如果法官的新判决没有任何明智之处，法律不会发展；然而如果每一个新的判决都改变了普通法对先例的解释，法律也不会发展。

我打赌能够共同演化构建的系统，如英国的普通法，它一定能发展并积累复杂性，因为它在某种程度上是自组织临界的，并且法律上新的判例解释中所出现的雪崩的幂律分布，以及其他复杂的共同演化系统中所出现的雪崩的幂律分布都允许积累复杂性。事实上，基于自组织临界性，或者更特殊一点，基于对 NK 适应度景观模型的分析——在《秩序的起源》和《宇宙为家》两书中我都讨论过，尤其是在《宇宙为家》中，我还给出了 NK 模型一个“修补”的版本——我完全相信适应性系统能在秩序和混沌的相变处很好地权衡是探索还是开发。当系统具有适应性时，变化的大大小小的雪崩的幂律分布能够而且也确实在系统中得到了传播。

很奇怪的是，在我出版了《秩序的起源》和《宇宙为家》之后，许多商业人士都开始找我。还有不少咨询公司也开始频频光顾圣菲研究所，学习“新的复杂性科学”，如麦肯锡（McKinsey）咨询公司、永道（Coopers and Lybrand）公司、安盛（Anderson）公司、安永（Ernst and Young）公司等。有一次，在安永的业务改革中心，克里斯·梅尔（Chris Meyer）问我是否有兴趣与安永合作，形成一个五五分成的合作伙伴关系，以寻求复杂性科学是否能运用于实际生活。这倒是引起了我的强烈兴趣。难道我和我的同事的工作仅是纯理论的吗？难道在真实的生物圈和经济圈里就没有运用的余地吗？何不投入这个区域，尽我最大的努力来寻找，来做好。尽管我也知道我们还处于这个科学的多么早



期的阶段。

与安永合作的 Bios 小组如今已有 3 个半年头了。我们的人数已增加到了 70 人，并有望突破 100 人。我们的年运转资金为 600 万美元，今年可望达到 700 万~800 万美元，因为我们的顾客范围很广，有得州仪器公司 (Texas Instruments)——我们为得州仪器公司发明了一个新的适应性芯片，海军陆战队 (the U. S. Marine Corp)——它关注的是适应性战斗，另外还有联合利华 (Unilever)、纳斯达克证券市场 (the NASDAQ stock market)、本田 (Honda)、波音 (Boeing)、强生 (Johnson and Johnson)、宝洁 (Proctor & Gamble)、西北大学商学院 (Kellogg)、西南航空公司 (Southwest Airlines)、参谋长联席会 (the Joint Chiefs of Staff)，等等。我们的战线还拓展到了生物技术公司，如 Cistem Molecular 公司，它旨在克隆小的顺式作用的 DNA 区，这一区域可以在发育和病害中调控基因的开启和关闭，与我们合作的还有欧洲的一个子公司 Euro-Bios，以及 NASDAQ 旗下的 EXA (它主要是为金融市场创造金融工具)。我很高兴能成为 Bios 的董事会主席和首席专家，我也很高兴能与一群有创造力的同事们一起工作，更让我高兴的是我们确实在实际生活中找到了一些线索，我们的想法的确可以得到运用。

我之所以谈及 Bios，并牵扯到一些人和事，是因为我们所做的某些科学工作倚赖于现实经济的方方面面，并且这些科学工作还开始指引我们超越阿罗-德布鲁理论的局限。我最开始接手的是波音公司，他们到 Bios 来的目的是想知道怎样在 1 年而不是 7 年的时间内设计制造飞机。波音人很困惑，除了那些按标准尺寸设计制造的部件以及按标准流程完成的工作之外，是否可能为了满足市场需要而制造一族相应的飞机呢？

最显而易见的方法便是借用“积木 (Lego) 世界”。作为 Bios 的创始人和首席专家，我正式被授权花费 23.94 美元买一套大一



点的积木（在此我有一点点夸大其辞，不过在 Bios 第一次举办的圣诞晚会上我堆的积木确实最棒）。

想必这本书的许多读者应该都很熟悉积木。它是一个搭建游戏，游戏中有各种各样按尺寸逐渐增大的方块，如 1×1 、 1×2 、 2×3 、 3×4 的方块，这些方块都可以相互黏接起来。我们可以将这些方块组装成非常复杂的结构，可能许多小孩和夫人都玩过。

那什么是积木世界？假设在一个空的木桌上放一大堆积木方块，把这些方块看做是“基本元件”，所有的搭建或拆毁操作无非是将两个元件叠在一起，或是将一个基本元件加到一个组装体上，或是将一个元件从另一个元件或另一个组装体上拿下来。

将一堆没有组装过的积木元件作为基组。从基组通过一步搭建工作就可得到“第一级”结构，比如将 1×3 通过一步特殊的重叠就可变成 2×4 。从基组通过两步搭建（或拆毁）工作就可得到“第二级”结构，依此类推，便有了第 3 级、第 4 级……第 20 级、第 100 级……

基本元件与由基本元件变换得到的积木一起构成了“技术图”。事实上，技术图非常类似于从有机分子的基组所得到的双向化学反应图，其中分子就是积木元件，连接了底物和产物的超线就是积木间的变换，图之所以是“双向的”，是因为代表积木和变换的点 and 超线有两种类型。

对于积木世界的技术图，大家所要注意的第一点就是，只要给定无限个基本积木元件，它就可能创造无限。

大家要注意的第二点是，在积木世界里，与任何真实的基本积木结构或复杂的积木结构有关的相邻可能是可以很好定义的。相邻可能是一种独特的新物体，它并没有被构建或，但从当前的积木通过一步搭建工作便可得到。当然在有限的积木世界里，我们可以从技术上考虑如何从任何一个现实都能够进入相邻可能。积木经济也许可以从简单的基本物体持续流向相邻可能，构建更



加复杂的物体。

第三点，我们可以考虑特殊的积木机器，它是由积木元件组成的，每一个机器都能完成一个或多个基本的黏接操作或拆除操作。积木世界还可以制造机器工具，以构建其他积木甚至其他的积木机器。

在《秩序的起源》和《宇宙为家》，我借鉴了理论化学家沃尔特·方塔纳的算法化学的观点，定义了积木世界的一个数学上的类似，即经济的“语法模型”。在这个模型中，二进制符号串代表商品和服务，如同积木世界中的积木。并且在语法模型中，“语法”指定了一个符号串怎样作用在另一个符号串上，就像机器作用在输入上一样，以产生新的符号串。在积木世界里，语法可通过以下两种方式指定，一是通过连接或去连接基本元件，二是通过各种搭建积木操作的任何一种设计。语法可以是简单的和上下文无关的，语法也可以是上下文密切相关的，其中哪种物体能以哪种方式加到不同的物体上完全依赖于围绕这些方块的或大或小的环境。简而言之，在上下文相关的语法中，物体和变换规则对物体及其先前变换的内容都是很敏感的。

在探讨积木世界的用处及其奇妙的产物之前，我们再来回顾一下积木世界，就像《秩序的起源》和《宇宙为家》两书中的语法模型一样，积木世界能成为经济的场所，在这个场所中，商品和服务会随时间膨胀，会出现物质的形成与消失事件。在先前的两本书中我接受了经济学家保罗·罗莫（Paul Romer）的建议，指定每一个符号串（这里的每一个积木）对每一个消费者都有效用。每一个物体对每一个消费者的效用会随时间成指数折现。今天的一个房子到了明天就会超出一个房子的价值，到了后天，其价值会增长得更高。为简单起见，一堆商品的总效用等于它们对消费者折现后的效用之和。

下一步，我引入了“社会规划者”的概念。社会规划者的任



务是设计一个随时间变化的生产活动模式，这个模式要最大化每一个消费者折现后的满意程度。常见的办法是采用有限的计划。社会规划者事先就得想好计划，如 10 个阶段的，然后再寻找随时间变化的建造活动模式，这种模式可以创造一系列符号串，或积木，而这种序列又可以最大化消费者随时间折现的满意程度。接着，社会规划者开始着手第一阶段的计划，制造第一组物体。再接着，规划者考虑了从段点 1 到段点 11 的 10 个阶段的计划，推出了第二个最优化计划，这个计划主要是为了考虑新加进的第 11 个段点，然后我们便开始执行这个计划。

由于经济中对消费者的总效用等于所有可能的商品折现后的效用之和，因此，在任一阶段找到一个最优化的计划只是一个线性程序问题，得到的结果是在那个阶段所生产的所有物体的生产活动的一个固定比率，生产活动的固定比率有点类似于价格，只是这个价格只与一个商品有关，我们可以把这个价格看做是任意的“货币”，或“计算单位”（numeraire）。

模型经济会随时做一些记号，因为在每个阶段，只有某些商品和服务才能得以构建，其他的商品和服务不能使消费者更满意。新的商品和服务会随着时间得以存在，而旧的商品和服务则会像物质形或与消亡事件中大大小小的雪崩一样销声匿迹。

语法模型或语法模型的物理含义，如积木世界，它只是一个玩具世界，其中存在物体和变换的技术图。随着对某个消费者或一群消费者或一个社会规划者的效用的增加，更通俗地说，因为不同的消费者具有不同的效用以及不同的积木由于生产规模不同而具有不同的成本，市场经济才得以建立。有了成本、借贷关系和破产规则，我们就可以创造和研究伴随着商品和服务不断演化的模型经济。

总的来说，这样的经济会持续进入相邻可能。由于每一级的积木数都比先前一级的积木数增多，因此随着越来越多的复



杂物体得以构建，几率与物体的多样性都会随之增加。在此我们有必要提及“互补”和“替代”这两个概念。螺丝（screw）和螺丝刀（screwdriver）是互补，螺丝（screw）和钉子（nail）是替代。互补的东西必须加在一起使用才有意义，替代则是相互取代。很明显，任何一个商品或服务的互补品和替代品构成了经济的生态位，生态位中存在着商品或服务。新的商品进入经济生态位，它们一定是现存商品的互补品和替代品，在电视机没有发明之前或电视节目还没有开播之前，是不会出现频道转换器的。

经济网就是经济中的一组商品和服务，其中红线连接着替代品，绿线连接着互补品。我们有目共睹，在过去的上百万年里，甚至只是上百年里，经济网的多样性一直在增加。为什么？因为就像在积木世界中一样，经济中存在的商品越多，那么商品间的互补关系和替代关系也越多，而且进入相邻可能的商品也会越多。如果有 N 种物体，那么潜在的互补关系或替代关系至少得用 N 的平方表示，因为每一种物体都有可能是任何其他物体的互补或替代。这样，随着经济网中物体多样性的增加，新商品和服务的生态位的多样性就会增加得更快！或许经济网的多样性根本就是自动催化的。

果真如此的话，那么商品和服务的多样性将是经济增长的主要动力。我相信商品和服务的多样性一定是推动经济增长的一个主要的但又没有被认识到的因素。简·雅各布斯（Jane Jacobs）在她很有创见的一本书中也谈到了相同的观点，即经济增长与城市和郊区的经济多样性的关系。经济学家乔斯·桑克曼（Jose Scheinkman）——现任芝加哥大学经济系主席，与他的同事们一道研究了大量的城市，并规范化了总的资本，然后他们发现经济增长与城市的经济多样性密切相关。同样地，第三世界和第一世界相联系的各式农业微观经济也正在获得局部的经济增长，而在



教育和基础设施上所做的巨大努力似乎渐渐变成徒劳，阿斯旺水坝^①和电力就是一例。

在生态系统中也是如此，一种有机体为另一种有机体创造了生态位。因此我怀疑，在过去的 48 亿年里，物种多样性的增长是自动催化的，因为可能的生态位数比填充到生态位中的物种数增加得要快得多。在自发过程和非自发过程的结合中，宇宙作为一个整体在自动催化地进入相邻可能，而且还是通过增加多样性推动的。由于多样性的增加，新的相对平衡态的偏离得以存在，然后被探测到，被耦合，最后推动新的分子以及其他实体吸收能量，创造更多的新事物。然而经济增长也仅是宇宙创造力的一小部分。

想一想怀特兄弟的飞机，它只是机翼、轻型汽油引擎、车轮以及螺旋桨的重新组合而已。经济中存在的物体越多，就会有越多的新物体被创造。在旧石器时代，通过加压制造薄片还没有出现之前，当我们只能用粗糙的石头工作的时候，我们已相当好地掌握了所有一切能被做的事情，那些凡是能被制造的简单石头工具也大多被制造出来了。今天，商品和服务的相邻可能是如此之庞大，以至于磕磕碰碰进入相邻可能的经济只能构建很小一部分技术上的可能。

从历史的角度来看，经济是偶然的，生物圈是偶然的，或许宇宙也是偶然的。

给定经典的 $6N$ 维相空间后，我们就处在了一个轨道上，在这个轨道上，相邻可能的维数似乎长期在增加，而宇宙在它不可各态历经的流动中似乎也永远不会重复自己。

第四定律？

^① 阿斯旺水坝，规模在世界数得着的埃及阿斯旺水坝，表面上看给埃及人带来了廉价的电力，控制了水旱灾害，灌溉了农田。然而，实际上却破坏了尼罗河流域的生态平衡，造成了一系列的灾难。——译者注



下面我要讨论一个真实经济网的算法模型，这个模型远离了喧嚣的买卖世界，也不再考虑你追我逐的弱肉强食。虽然这个算法模型很有说服力，但没有一个算法模型是完全的，因为生物圈或经济圈都是不可有限预言的。事实上，在我们力图设计和建造真实经济网的算法模型的同时，也将帮助我们看清有限描述的不足之处。

这都取决于面向对象的程序设计。

一个典型的例子是新近出现的 Java，一种面向对象的程序设计语言。到 1998 年 2 月，Java 文库已经拥有了 8 万种 Java 对象。你完全无法想象 Java 对象的文库竟增长得有这么快。在 Java 对象中，有“化油器”、“引擎”、“活塞”等以及用于描述“功能”的对象，如“是 (is)”、“有 (has)”、“做 (does)”、“需 (needs)”、“用 (uses)”等。

这些对象的名称形象生动，比如对象“活塞”能填充到“引擎”的汽缸孔中并运行于其中的完整的塞体。对象“化油器”可位于“引擎”的顶部，并与某个“汽油管道”连接起来。

物理引擎和活塞实际上是互补品，必须合在一起使用才有价值。这样，引擎和活塞作为算法 Java 对象的代表，与算法“搜索引擎”一道，原则上或实际上表达了真实经济网中真正的互补品和替代品的概念。搜索引擎是为了匹配互补品和替代品的相应功能“是”、“有”、“做”等。

从根本意义上来说，恰当的 Java 对象与搜索“是”、“有”、“做”的互补品和替代品的引擎一道构成了对象及对象间的连接或变换的语法，这个语法可以是与上下文无关的，也可以是与上下文有关的，或者其他情况。

简而言之，如果正确操作的话，Java 对象和搜索引擎能创建一个包含所有对象以及从基组构建来的变换对象的技术图。Java 对象和积木世界其实是一样的。就构建简单的组合物体而言，积



本世界在逻辑上类似于必须借助外力才能完成其总目标的一组目标。实体和操作也是如此，下面我们将会给予更进一步的讨论。技术图关注的是单个框架中的对象与行为、事物与目标、生产与过程。

因此，原则上我们得一开始就指定一种方法来表征对整个经济网的大修补。让各种公司业务在不同层次上进行分解，创造各种 Java 对象，这些对象适合于它们的行动和构建材料，材料最好部分是加工材料，部分是目标材料，目标材料包括产物。让这些 Java 对象用恰当的“是”、“有”、“做”来表征，并且还有足够的搜索引擎来搜索互补品和替代品。结果便形成了一个在功能上以各种方式相连接的 Java 对象的分布网，当互补品和替代品在当前经济中创造了无以数计的商品和服务时，这些方式确实存在于其中。

不过我们更感兴趣的是真实经济网中的数据。不管经济网的其他特点是什么，任何这样一个图都具有典型图的特征。有些商品对经济网至关重要，如汽车、计算机等，有些则不那么重要，如呼啦圈和奇石收藏。也许，网络结构中产物的位置与公司的战略地位有密切联系。

但是，如果经济网自己来展现它的相邻可能，这其中将会包含有更多的内容。看看玛丽皇后和保护用伞，如果伞放在玛丽皇后的烟囱里，它就处在相邻可能之中，没什么用处。但对于即将着陆的塞斯纳-172 飞机（Cessna-172）背后的一把小的保护伞又是如何呢，气体制动使它成为一种可能的处在相邻可能之中的新商品，从这里再向前发展几步就行了。

还有，当新的商品和服务出现在由已存在的商品和服务所提供的生态位中，并使旧的商品和服务消失时，经济网中随时间变换的统计学是什么？今天再也没有人使用罗马人的围攻战术，因为飞航式导弹可以做得更好。



我相信这些面向对象的经济网络工具将会在不远的将来得以存在。事实上，Bios 小组就正在从事发明和创造它们。而且我也相信这些工具将会成为协调供应链间的活动以及协调通过自动化市场相连接的大型经济间的活动的一个强有力的手段。

但我不相信任何一个这样的算法工具是完全的。工程师们发现引擎是如此的坚硬以至于它自身就可作为工程师们一直在寻找的拖拉机底盘。这个有意识的发展简直就是一个天才的发现。现在假定我们已经拥有了研究拖拉机的所有部件的 Java 对象模型：引擎、化油器、活塞。在引擎的所有属性中，如果我们事先没有列出引擎的刚性，或者引擎的刚性不能从其他所列的属性中推出来，那么，尽管我的经济网络模型在算法上可达到相邻可能，值得吹嘘一番，但它怎么也拿不出这样好的建议——利用引擎的刚性来做底盘，哪怕它有如此好的“是”、“有”、“做”等特征。

你将再次发现，只有对真实物体的所有相关属性都做一个有限的预先推述后，我们的算法才有说服力，但仍不完全。然而我无法知道怎样在真实的宇宙中创造真实物体的所有相关属性的有限的预先推述。

这个世界比我们所想象的要丰富得多。

我有必要对阿罗和德布鲁说：“先生们，商品和服务是不可有限预言的，因此不动点定理是有限制的。”

我也要对那些从事经济研究的同仁们说：你最好把经济看做是不断发展的谋生的新方式，不断创造价值和贸易互利的新方式，并同时伴随着旧的方式的消亡，这才是你们要研究的对象，而不仅仅只是研究稀有资源的配置以及市场结清价格的获得。经济就像生物圈一样，探讨的是谋生方式的不断创造。

从我先前对自主主体和繁殖组织的讨论，我发现其中的某些相似之处很值得一提。在分子自主主体的层次上，我不断地重复这样一个观点：功是受限制的能量释放，自主主体做功来构建能



量释放时的限制，以至于能量可以沿着特定的渠道释放，以至于非平衡能源与繁殖组织的耦合可以出现。然后我们再来考虑法律和契约的作用，它们的限制使得相互联系的经济活动可以流向特定的活动之路。经济活动所流向的渠道，其限制在本质上大都是合法的。法律限制的存在对经济的发展和增长来说是至关重要的，就像其他各种活动对经济的发展和增长也很重要一样。

稳定的可构建性

我投资买积木的最初目的是为了探索和定义“稳定的可构建性”这一概念。我们成功了，但也遇到了诸如可解性问题的相变等这一类有趣的问题。不过，正是这种相变表明在共同构建的生物圈或经济圈中，相当特殊的限制出现了，并受到了公司、动物、鉴赏家的推崇。

回顾一下积木的基组和级数，第1级，第2级……每一级所包含的积木都是从基组构建来的，构建的步数等于它的级数。假定一个积木房子用20步可建造成功，它就位于第20级。可能会出现这样的情况，从基组到积木房子用20步只有一种建造方法，但也可能用20步有成千上万种方法。在后一种情况下，直觉上就可知道积木房子的建造是很可靠的。如果一种方式受阻了，如 1×3 的方块用完了，那么另一种方式也可以使得积木房子毫不延误地继续构建，同样是20步，只是用了其他尺寸的方块而已。

稳定的可构建性同样也关注这样的问题，如果我们的步数超出了最低限度的20步，如有21步、22步、23步……那么建造积木房子的方法数将如何增加呢？方法数也许根本不会增加，也许增加得很慢，也许会呈指数增加。如果方法数增加得非常快，用22步来建造房子就足够了，因为即使某些类型的方块和机器临时坏掉了，也丝毫不会阻碍房子的构建。



考虑一组积木、房子和带有烟囱的房子。从基组建造积木房子有许多种方法，我们每种都考虑到，并且对于每一种建造积木房子的方式，我们更关心它是怎样做出最少的改建来得到带有烟囱的积木房子。也许烟囱可直接加到已完成的积木房子上，更有可能的是，得先部分地拆除已完成的积木房子，再继续建造带有烟囱的房子。因此在建造积木房子和带有烟囱的积木房子的过程中会有一个分叉点。

分叉点上的物体和/或操作，即从它出发，既可建造房子，又可建造带有烟囱的房子，这是一个有趣的适度复杂的物体或操作，因为它是多功能的。它至少可用子两种不同的方式。

当我们建造房子的时候，我们都知道板子和钉子是必不可少的物体，建成的房子是一个完工的物体。但也有一些不那么重要的物体，如窗户和带框的墙，也经常用到。为什么？因为它们是多功能的适度复杂的物体。技术图和分叉点可以为我们识别物体是否是多功能的和适度复杂的。

但又出现了一些更细枝末节的事情。从建造房子和带有烟囱的房子的最后一个分叉点开始，也许再只有一种方法可以建成房子，也只有一种方法可以建成带有烟囱的房子。于是可构建性就不再那么牢靠了。哪一种方法都很容易受到阻碍。换一种思路，假定有一个适度复杂的物体离开基组后，离分叉点还有三步的距离。好，也许这时会出现成千上万种方法建成房子和带有烟囱的房子。任何一种阻碍或一小部分阻碍都很容易克服，哪怕所有 1×2 的方块都被用完了，房子或带有烟囱的房子也可以毫无延误地被建成。这是一个明智的、稳定的、适度复杂的、多功能的对象-目标。于是仅仅储存这些灵活而又适度复杂的物体就行了！

由此，便有了过程设计和库存控制的新观点。

Bios的一位同事吉姆·赫里奥（Jim Herriot）做了一个非常漂亮的小Java计算机模型，并用它来显示运转中的技术图。程序



中的对象有“椅子”、“座板”、“靠背”、“椅子腿”，还有“泡沫”和“填充物”，以及两个“固定物”，一堆“螺丝”、“钉子”和“木头”，一把“锯子”，一把“锤子”以及一把“螺丝刀”。每一个对象都有它自己的一组特征，如“是”、“有”、“做”等。

程序集合了相关的技术图。组装椅子的办法如下：一个物体用一条黑线连接到另一个物体上。首先，椅子向螺丝伸出一条线，并说道：“我需要一个依靠！我需要一个依靠！”螺丝答道：“我是负责旋紧固定的，我是负责旋紧固定的！”于是它俩没有匹配上。经过许多次随机地尝试后，终于“椅子”向“靠背”伸出了一条黑线，然后说道：“我需要一个依靠，我需要一个依靠。”“靠背”欣喜若狂地喊道：“我可以让你依靠，我可以让你依靠。”由于“椅子”和“靠背”达成了协议，于是黑线变成了黄线。也是按照同样的方式，“靠背”找到了“填充物”和“木头”，以及互补对“钉子和锤子”，替代对“螺丝和螺丝刀”，完成了“固定”操作。

很显然，组装整把椅子之前必须得先制造好某些部分元件。螺丝和钉子用完了，椅子腿、靠背也相继被组装起来了，座板也造好了，最后先把椅子也顺利完工了。

成许一切都在顺利进行时，谁知所有的螺丝钉都用完了。原本依赖于螺丝和螺丝刀来加入填充物的座板，这下可急坏了，它四处张望，然后只好决定要螺丝刀配合钉子一起工作。可这根本行不通。最终，座板总算找到了钉子和锤子，而且这一对互补物配合得还蛮默契。于是又有更多的椅子被做成了。接着钉子又用完了，失败又开始在系统中蔓延。

技术图并不是一个比喻的说法，而是理解稳定的可构建性的一个普遍原理，理解经济网的结构的一种新工具，是为公司服务的一种知识处理，是一种新的基础科学。事实上，技术图中的一个有趣的特征就是，它们构成了同时考虑过程和产物设计的一种



概念性框架。就我所知，我们以前从未有过这样的概念性框架。

技术图并不仅局限于批量生产，在军事上或其他逻辑操作上也会出现同样的普遍性规律。在某些相关背景中，技术图变成了一系列的要求，我们需要这些要求来满足子目标，而且在获取总目标的过程中，子目标都可稳固地达到最高点。按顺序从 19 爬到 20，在逻辑上等同于从建造没有烟囱的房子到建造有烟囱的房子。

可解性问题中的相变

在组合优化问题，或是生物学和经济学的追求满意的问题（satisficing）中，由技术图引发了可解性问题的相变这一课题。下面我专门来谈一谈这种相变。

我还是以一种象征的手法开头。假如你正在阿尔卑斯山上。山中出现黄色的溴雾，任何人在溴雾中呆一微秒都会死亡。于是存在三个区域：“死亡”、“濒临死亡”和“幸存”。

“死亡”区域：溴雾比白朗峰^①（Mont Blanc）还高。很不幸，每个人都会死掉。

“濒临死亡”区域：溴雾稍微偏低了一些，白朗峰、埃格峰^②（the Eiger）、马特洪峰^③（the Matterhorn）在阳光中显露出来。在这三个峰顶附近的旅行者可以幸存下来。

假若每一座山都不固定。按照板块结构学（plate tectonics），山脉景观是可以变形的。或者如最后一章所说，一个物种或一家

① 白朗峰（Mont Blanc）：海拔 4810 米，是阿尔卑斯山脉第一高峰。位于瑞士之南，向法国意大利境延伸 50 千米。

② 埃格峰（the Eiger）：海拔 3970 米，与少女峰、僧侣峰合称瑞士三大名峰。

③ 马特洪峰（the Matterhorn）：海拔 4478 米，位于意大利与瑞士边境的阿尔卑斯山上。



公司或一次战争的适应度景观，在其他物种或公司或敌方改变了策略时，由于共同演化，其景观也会改变并持续变形。如果山脉景观变了形，白朗峰、埃格峰、马特洪峰最终也会淹没到溴雾中，但同时说不定又会有新的山峰在阳光中显露，不过这些峰一定离白朗峰、埃格峰、马特洪峰很远。

这下可不好了。原先那三个峰的旅行者，由于溴雾淹没了山峰，新的在阳光中显露的峰又离得太远而不可到达，他们一定必死无疑。这个“孤立峰区”就是濒临死亡的区域。

不过还有一个靠近相变的区域。

“幸存”区域：溴雾飘得更低，于是越来越多的山峰见到了阳光。在某些点，某些很神奇的点，随着越来越多的峰沐浴在阳光中，一个旅行者能非常巧妙地在阳光中徒步走完整个阿尔卑斯山。

以下便是从孤立峰区得到的一个相变。随着溴雾的降低，相互联系的“解决办法”之网（数学上称为逾渗网）也会骤然突现。观在假定旅行者背着行囊，兴致昂扬地大踏步走在阿尔卑斯山上。如果板块结构很慢地改变着景观，那么不论什么时候当旅行者即将要淹没到溴雾中时，他都能朝某个方向迈出一大步，然后又沐浴在阳光中。

解决办法之网总能得以存在。就适应度景观而言，如果你正在一个适应度景观上前进，正在变形的景观又处在你的幸存区内，那么你总可以从你发现自己处于危险的地方迈出一小步又继续存活下来。

这种相变属于比较难的组合优化问题。一个典型的例子便是众所周知的作业车间问题。作业车间问题假定有 M 个机床和 O 个工件，我们要在这些机床上加工这 O 个工件。每一个工件要求按照一定的顺序在每一个机床上停留一段固定的时间。也许工件 1 要先在机床 13 上停留 20 分钟，然后再在机床 3 上停留 11 分



钟，最后在机床 4 上停留 31 分钟。而工件 2 必须先机床 1 上停留 11 分钟，然后再在机床 22 上停留 10 分钟，等等。

调度是工件与机床的一种分派，使得所有的工件都可加工完成。用来加工这组工件的总时间称为“生产周期”^①(makespan)。对于每一个调度，我们都可以给出一个相邻调度的定义，如两个工件都被分派给同一个机床时的交换顺序。给定一组可能的调度、调度间的相邻关系以及每一个调度的生产周期后，在作业车间问题的调度空间里便会存在一个生产周期的适应度景观。

我们希望最小化生产周期。继续沿用我们的山脉景观的比喻说法，其中高峰都是好的，我们主要是考虑通过最小化生产周期来提高效率。具有较短生产周期的调度相应于作业车间的适应度景观上的高效点。很明显，短的生产周期增加了问题的难度，而长的生产周期使问题变得简单。因此，长的生产周期就像位置较低的迷雾，然而短的生产周期就像位置较高的迷雾。

在作业车间问题中，当生产周期从长变得短时会出现相变吗？图 9.2 给出了文斯·达利得到的结果。 x 轴表示生产周期，从短到长， y 轴表示一个给定生产周期上的调度数。

你将发现，当生产周期足够长时，尽管生产周期在缩小，但每一个生产周期上的调度数仍大致为常数。但是在一个临界较短的生产周期处，解决办法的数量会陡然下降。在曲线开始发生改变的拐角处便是一个相变，它是具有较长生产周期的幸存区与具有较短生产周期的孤立峰区/濒临死亡区之间的相变。此处我得稍加说明，拐角的锐度会随着作业车间问题的难度的增加而增加，而作业车间问题难度的增加则是指机床 M 与工件 O 的数量增加。

对于这类相变有许多直接测试的方法。在幸存区中，当生产

① 生产周期：是调度开始时间与终止时间之间的间隔。——译者注

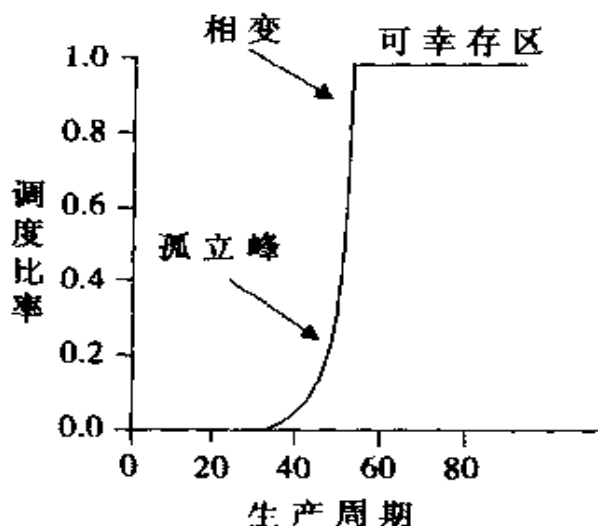


图 9.2 在作业车间问题中，当生产周期增加时，从孤立峰区到可幸存区的相变。可靠的幸存操作必须在曲线的水平部分进行，在临近相变的地方，当生产周期减小时，曲线会陡然下降。随着作业车间问题的难度的增加，相变会变得更陡。

周期比相变处的生产周期更长，即效率更低时，我们就从这个给定的生产周期上的给定调度开始着手。现在检测所有与之“靠近”的调度，看看是否有任何的调度具有同等的甚至更好的生产周期。通过这些相邻的调度，我们“行走”在调度空间中，继续测试是否存在具有同等的甚至更好的生产周期的调度。这个相互联系的调度之网要么覆盖了整个解法空间，要么没有。如果这个网覆盖了整个解法空间，那么最初的调度一定位于幸存区内。如果仅仅只是找到了具有大致相同的生产周期的相邻调度的孤立区域，那么你必定位于孤立峰区。

另一个测试办法是观察给定生产周期上有着合格的解法或更好解法的“豪斯道夫维数”^① (Hausdorff dimensionality)。豪斯道夫维数是这样计算的：先考虑一个给定生产周期上最初的调度，

① 豪斯道夫 (Hausdorff) 维数：空间维数为分数。——译者注



然后再考虑所有突变了 1 次的相邻调度的数目，这些相邻的调度要与最初调度的生产周期一样好，甚至更好，然后才考虑所有突变了 2 次的相邻调度。在作业车间中，给定生产周期那一点处的所有合格调度的豪斯道夫维数是突变了 2 次的合格调度的对数值与突变了 1 次的合格调度的对数值的比值。事实上，豪斯道夫维数给出了一个给定的生产周期上合格的调度或更好的调度增长得有多快，即作业车间的调度空间处于多少维。平均而言，在幸存区中豪斯道夫维数大于 1.0。在孤立峰区，豪斯道夫维数小于 1.0。在相变处，豪斯道夫维数恰好等于 1.0。

我所提到的相变对大多数组合优化问题都是适用的。但它不适用于适应度景观，比如，它就不适用于锥形的富士山。富士山景观相应于一个简单的、线性的优化问题，对于比较难的组合优化问题会由于冲突的限制而呈现多峰。

一个更有意思的做法便是将作业车间景观上的搜索统计与经济中的学习曲线联系起来。在竞争领域经常会提到学习曲线。从飞机制造到钻石切割到烟草行业，学习曲线总可以表明，当工厂的总输出翻一番后，每单位产品的成本也会下降一个固定的比例，通常是 5%~10%。如果用 y 轴表示每单位产品的成本的对数值， x 轴表示累计总产量的对数值，那么在这个双对数坐标系中你可以得到一条斜向下的直线，即是幂律的。

其中令人感兴趣的事情是这个特征反映了在不平坦的相互关联的适应度景观上更适合的变量的一些搜索统计特征，如以上谈到的作业车间问题。在这种问题中，当找到了比较适合突变 1 次的变量后，在这些变量中，又会出现更加适合的突变 1 次的变量，它们所占的比例往往会下降一个固定的常数，也就是每一步的提高总在上一步所获得的提高中占有一定的固定比例。这种性质便产生了学习曲线。我和我的同事洛勃 (Jose Lobo)、奥斯华德 (Phil Auerswald)、谢尔 (Karl Shell)、麦克里迪 (Bill Mac-



ready) 发表了大量论文, 都是有关不平坦景观和学习曲线的统计学运用的。

不过还有一点也很重要。我们能够控制我们所面临的问题空间中的统计结构, 从而使得问题更容易得到解决。我们能够而且也确实协调着我们所解决的问题的结构。协调景观结构的能力已体现在作业车间问题中。在大多数情况下, 改善问题空间的结构要求解除冲突限制以使问题转向你所要求的生产周期或效率处于幸存区域中。譬如, 在我所列举的作业车间问题中, 我就要求 O 个工件必须每一件都按一定的顺序在 M 个机床上加工。

很简单的生活常识, 先穿衣服或先穿裤子无关大碍, 但在穿鞋之前必须得先穿袜子。换句话说, 生活中的有些步骤是可交换的, 有些是不可交换的。假定在我们的作业车间问题中, 对于 O 个工件的每一个加工步骤, 总有一个固定的部分 P 是可相互交换的。 P 的增加意味着有更多的步骤可交换, 那么整个问题空间中的冲突限制也相应地减少了。同时, 这又意味着整个解法空间得到了改进, 即空间转向了具有较短的生产周期或更高的效率。

现在, 大家对迷雾这种比喻的说法应该可以变得一目了然了。随着可交换步骤数的增加, 冲突限制也相应地减少了。整个生产周期-效率景观也被抬升了, 峰越高, 景观的冲突限制越少, 也就越平滑。总而言之, 结果就是解法的逾渗网, 即旅行者徒步所能走过的阿尔卑斯山的地方, 将出现在具有更高效率和更短生产周期的地方。

看一看图 9.2, 在作业车间问题中, 具有可交换步骤这一能力使得相变点向左移动到更短的生产周期处。或者, 如果你想让图 9.2 中的曲线向左移动, 你可以去购买数台多功能机床, 这样, 同样的机床可用于更多的工作, 照样可以减少冲突限制。

对于可解与不可解的相变, 还有另一种观点, 它集中探讨的是处理事情的过程中可变更方法所起的作用以及不容易受到阻碍



的稳定的可构建性策略。而且上一章所谈到的一个比较简单的模型，Ksat 模型，也是为了解释以下这一典型的观察结果而引入的。联合利华的工作人员说，假设他们有一个工厂，专门生产某一产品的系列产品，如牙膏。当产品品种从 3 增加到 4，到 10，甚至到 25 时，工厂都运转得非常好，但是当产品品种增加到了 27 时，工厂突然倒闭了。这非常不可思议，当工厂的某一产品品种增加时，工厂居然会倒闭。

为什么？也许这就是可解性问题中的相变。

让我们再来回顾一下 Ksat 问题，不过在最后一章中，基于索希尔和凯特的工作，我把 Ksat 问题看做是一个适合于集群的模型。图 8.19 给出了 Ksat 问题及其相变。

Ksat 问题主要考虑的是标准选言形式中具有 V 个变量和 C 个子句的逻辑陈述问题， $(A_1 \vee A_2) \text{ and } (A_3 \vee A_4) \text{ and } (\text{not } A_2 \vee A_4)$ 。正如前一章所讨论的， C 个子句中总共含有 V 个变量，每个子句又有 K 个变量，对于这种选言形式，如果对 V 个变量个个都指定了其逻辑真或假后，最后可以使得整个表达为逻辑真，这是完全可满足的。

在执行任务或使得子句为真的过程中，假设可变更的方法数为 K ， K 越大，这个组合的表达就越容易得到满足，从标准选言形式我们可以清楚地看到这一点。更一般的，如最后一章所说，或如图 8.19 所示，对于一个随机的 Ksat 表达，有 V 个变量、 C 个子句，并且每个子句含有 K 个变量，当指定了 V 个变量的真与假后，在这整个表达可被满足的概率中存在一个相变。相变发生在水平轴上，用 C/V 表示任何一个变量出现在子句中的平均数。很明显，随着 C/V 的增加，冲突限制也在增加。从完全可解决到完全不可解决的相变位于 C/V 轴的 $\log_2 \times 2^K$ 即 0.6×2^K 处。由此，随着 K 的增加，相变右移到更大的 C/V 处。

图 8.19 使我们对联合利华的问题有了一个直观上的理解。



事实上, 这种问题比联合利华的组装问题更具有普遍性。若将每一个子句 $(A_1 \vee A_2) \dots$ 看做是生产一种类型牙膏的一种方法, 而它们的联合 $(A_1 \vee A_2)$ and $(A_3 \vee A_4) \dots$ 则看做是生产所有 27 种牙膏的一种方法。对于一个工厂, 如果用于生产这些不同类型的牙膏的 V 个变量增加时, 子句数即牙膏品种数也随之增加, 那么, 这个联合问题会突然呈现许多冲突限制, 最后使得这个问题从可解穿越相变到达不可解。

而且, 对于任何一个给定的子句数和 V 个变量, 如果指定了 V 个变量的真与假后, 可使 Ksat 问题得到满足, 那么我们不禁要问, 若指定给 V 个变量的逻辑值有任何一个发生了 1 次突变, 即 V 个变量中有一个变量的逻辑值发生了改变, 那么这 V 个变量是否仍可使 Ksat 问题得到满足呢? 于是我们就可以研究这样一个相变——随着 C/V 值的增加, 解法空间从完全可解区到孤峰区到完全不可解区。

就像在作业车间问题中一样, 随着一个工厂产品品种数的增加, 工厂将会面临从兴旺到倒闭的相变, 因为冲突限制会随着 C/V 的增加而增加。由此产生的景观也会变得更加崎岖不平, 峰降低了, 黄色的溴雾逐步从幸存区蔓延到濒临死亡区直至死亡区, 最后淹没了阿尔卑斯山的白朗峰和所有旅行者 (图 9.3)。

这使我回想起了技术图和稳定的可构建性。积木房子和带有烟囱的积木房子是可稳定构建的, 只须在通往两个房子的路径上选择某些适度复杂的物体, 就可有成千上万种构建方法。若是你不想付出太多的代价, 最好的办法就是储存那些适度复杂的多功能物体。

适度复杂的多功能物体在完成对两个房子的构建中, 提供了多种途径, 多种变换方法。由此, 在实现我们所想要达到的目标空间中或在我们的牙膏生产空间中, 这些巧妙的适度复杂的物体减少了适应度景观中的冲突限制。减少冲突限制可以抬高适应度

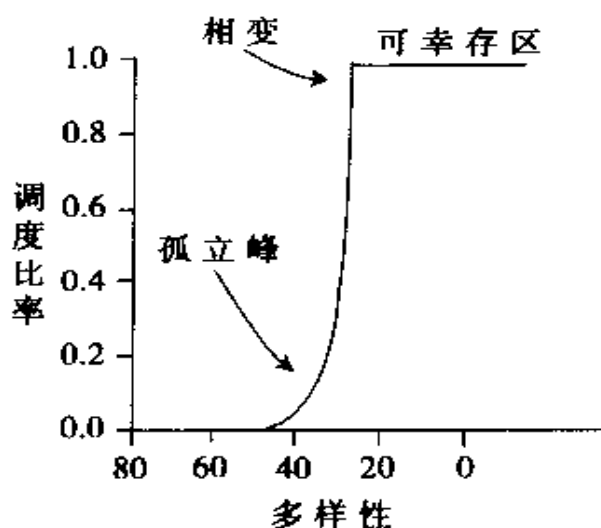


图 9.3 在给定的设施条件下，随着产品多样性的减少，从孤立峰区到可幸存区的相变。图中表明在一定设施条件下进行批量生产时，要限制产品多样性，因为产品数越多，冲突限制也就越多。可靠的操作发生在水平线上，当产品多样性增加时，曲线将会急剧下降。这一观点同样也适用于复杂的军事运动，武器相当于变量，子目标相当于子句。可靠的操作必须在可幸存区域中进行。

景观的峰，获得更高效率，从而在产品品种较多时，也存在一个幸存区。

通过利用技术图来设计产品和过程，我们能够选择一组具有很多适度复杂物体的产品和建造方法。这种选择使得问题更容易得到解决，而不是更难解决。于是我们将问题空间的统计结构调节到了幸存区域。而且我们还可以测试我们所选择的建造房子和/或带有烟囱的房子的方法是位于幸存区，还是位于濒临死亡的孤立峰区。我们仅需要利用技术图测试出构建相同物体的突变了 1 次的相邻办法以及这些办法的平均豪斯道夫维数。

并不需要一定在孤立峰区域中操作。事实上，如果你遗失了某些部件或丢了几台机床，你最好从相变处折回来，重新呆在幸存区域中以幸存下来。如果你正在对敌作战，而敌方策略的变化



不断地影响着你的反击景观，试图破坏你的战斗力，那么你也最好从相变处再回到幸存区域中。图 9.3 中的标准选言形式大致相当于你的战役的复杂性——满足所有的子句相当于实现你的总目标，而每一个子句则代表一个子目标，利用 V 种武器可有 K 种变换方式来实现你的目标。

战争和经济有许多共同之处，战争和生物圈也有许多共同之处。如果你是与其他物种共同演化的物种中的一个，你的操作最好不要超出相变，而应该老老实实地呆在幸存区。

这其中还隐藏着这样一层含义：如果你一定得谋求一条生路，那么就算看在上帝的分上，你也一定得让你的问题空间是位于幸存区的。

这又使我想到了我早先所谈到的一个问题，即麦克里迪和沃伯特所提出的“没有免费的午餐”理论。给定一组所有可能的适应度景观后，平均而言，没有哪一种搜索算法会胜过任何其他搜索算法。在寻找高峰的过程中，就所有可能的适应度景观而言，逐步上爬地搜索未见得就比随机地搜索要好。

没有免费的午餐理论使我产生了以下疑惑：我们有机体在演化中用到了突变、重组和选择，而且我们还为性和重组付出了两倍的适应度。然而重组只对足够平滑（指高峰彼此紧密相连）的适应度景观才是一个有用的搜索过程。

我不禁有些茫然了，在演化中何处才会出现这么好的适应度景观，因为并不是所有的适应度景观都可有幸如此平滑。有些景观是随机的，有些是反相关的。

这使得我不得不开始考虑自然游戏，或者说谋生方式。因为谋生方式与谋生的有机体一同演化，因此我们所得到的获胜的游戏实质上是胜者所玩的游戏。由此可知，有机体无意中使用了突变、重组和选择这些搜索机制，并搜索出了谋生方式，然后将它们加以利用。因此这些谋生方式备受有机体以及类似物种的欢



迎。至于那些不能被有机体的突变重组搜索到的谋生方式可就不那么受欢迎了。

因此我们可以顺理成章地得到以下结论：自主主体的生物圈是一个自我连贯自我构建的整体，其中主体、谋生方式以及怎样谋生的搜索方式共同构建了这个生物圈。很幸运，我们所选出的问题都是我们所能解决的问题。当然，如果我们不能解决我们所选出的谋生方式，我们将必死无疑。

因此我认为存在这样一个分子线索：生物圈为了谱系的繁衍而不断地在幸存区内共同构建自身。我们已经表征过幸存区域的特征，即每一个生物的适应度景观会随着其他生物的适应性移动而发生变形，但不管怎样，总存在相邻的幸存方式。从遗传学的角度来看，这些相邻的方式离物种种群现在所处的位置只有1个或几个突变或重组的距离。如果生物圈共同构建了自身，并使得大多数的物种都处于幸存区，那么随着共同演化的发生，说不定这些物种都将会连续地变换到子物种。你完全可以想象得到这些轻微的变换过程是连续的，也许还伴有幂律形式的自组织临界出现。

“分子钟假说”^①似乎能吻合这些事实。如果我们来比较一下人类、黑猩猩、马、鲸等的血红蛋白，我们会发现，在演化史上，我们彼此分离得越早，就会有越多的氨基酸的突变可以区别相关两个物种的血红蛋白。我们人类的血红蛋白与黑猩猩的很相似，但与鲸的截然不同。这种关联非常好，因为在给定的蛋白质家族里，通常认为突变会像钟表一样累计时间。因此，分子钟假说认为，可以将氨基酸看做是一种钟，它的区别记录了自共同的

① 分子钟假说：两种生物如果起源于同一祖先，在这两种生物体内应能找到源于共同祖先的同源分子。这一分子的结构基本上相同，但又有差异，因为它们从同一祖先分化后，在进化历程中分子的结构会发生变异。假如这种分子结构的变异速率是恒定的，那么这个分子就成为一生物进化的生物钟。只要比较两种生物的这种分子的结构差异的比率，就可以推算出这两种生物分化的时间。 译者注



远祖以来所经历的时间。不同的蛋白质之钟似乎在以不同的速度运转。

有资料表明这种分子钟假说并不尽人意。约翰·吉勒斯比(John Gillespie), 如今是加州大学戴维斯校区的一位种群生物学家, 几年前他就表明, 氨基酸作为钟似乎是以短脉冲形式出现的, 经过长时间的积累才形成了一个“结结巴巴”的分子钟。吉勒斯比认为, 适应度景观偶尔会发生改变, 氨基酸的脉冲也会相应地靠近新近形成的峰。我同意这个观点, 而且我还认为, 所有物种的分子钟近乎精确地走过了上百万年, 仅凭这一点就可以说明, 生物圈一直在共同构建着自身使得物种谱系一直停留在幸存区, 哪怕它们形成了又灭绝了。

我们有机体共同构建着我们的谋生方式, 使得当共同演化向前发展时, 问题空间基本上都是可解的, 当然并不总是可解的。经济圈基本上也是如此。旧的谋生方式消失了, 新的谋生方式又出现了。我们似乎也这样共同构建着我们的经济圈, 使得谋生方式以及发现新的谋生方式都是可操作的, 也许还是以自组织临界的方式进行, 其中有许多大大小小的物种形成和灭绝事件。

有一个推论: 如果你有幸处于幸存区域中, 你就可通过适应性幸存。作为有机体或组织, 如果要是适应的, 应该具备哪些条件呢? 我们将在下一章给予讨论。一个大胆的猜测便是有机体或组织处于有序区域中, 但又临近混沌边缘, 其中会有大大小小的变化雪崩的幂律分布在整个系统中扩散, 以至于在不断改变的共同演化的适应度景观上, 它最优化了探索与开发之间的平衡。

也许适用于生物圈的定律可以拓展到适用于经济, 这一点也不奇怪。人类交换苹果和梨使贸易互利增加类似于根瘤和真菌交换糖分和固氮, 两者都是为了改善生存。因此, 经济也在分享着宇宙的无限创造力。分子、物种和经济系统都在持续进入相邻可能膨胀。总而言之, 你无时无刻不在感受到多样性长期增加的趋



势，也无时无刻不在感受到不可各态历经中相邻可能维数的持续增加。

也许我们真的窥见到了第四定律。



第十章 共同构建的宇宙

从生物圈到宇宙？是的，因为它们演奏着相同的主旋律。

《科学新领域的探索》主要研究的是自主主体以及它们对生物圈和经济圈的共同构建，而这两者的位形空间都是不可有限预言的。当我们将宇宙加以考虑时，这些主旋律也似乎找到了它们的回声。不过得注意：我不是一个物理学家，这些问题都很深奥，我似乎有胡言乱语之嫌。

不论怎样胡言乱语，但有两点是不可否认的：第一，自大爆炸以来我们的宇宙变得越来越复杂；第二，我们还没有一个理论可以解释为什么宇宙这么复杂。毫无疑问，40亿年来生物圈的分子多样性一直在增加，物种多样性也一直在增加，而且经济圈百万年来随着人类的演化也变得越来越复杂。我们对此坚信不疑。如果说我们缺少这方面理论，倒并不是因为摆在我们面前的多样性和复杂性在增加这一事实不值得用理论去解释。

不过，我们已经看到了有关这个理论的一点线索，通过自主主体为了谋生而自我连贯的搜索方式，通过由此而产生的新的谋生方式，通过为新物种所创造的新的相邻生态位比创造了这些新的相邻生态位的物种增长得快得多这样的事实，以及通过掌握了这些生存模式的搜索机制……通过这些，在生物圈和经济圈的共同构建中我们似乎触摸到了这个理论。我们似乎瞥见了第四定



律，而且还发现自我构建的生物圈在尽可能快地扩大它们的工作空间，增加它们的相邻可能维数，但仅仅只是瞥见了而已，既没有充分的理论根据，也没有非常确凿的事实。但这一瞥往往会推动未来科学的前进。

再来回顾一下在过去的 40 亿年里生物圈的化学物质是怎样变得越来越多的，化学物质通过从化学实际到化学相邻可能的化学势进入了它的相邻可能，其中，只有实际的底物存在，相邻可能的产物并不存在。每当生物圈的分子多样性增加时，其相邻可能的反应就会增加得更快。回顾以前我们所做过的简单计算，对于适度复杂的有机分子，任何一对分子都能经历到一个“两底物两产物”的反应。不过，可能的反应是系统中化学物质的平方。随着分子种类的增加，总是成正比地会有更多的新的反应进入相邻可能。如果我们将生物圈中或者是宇宙中从未存在过的一种化学物质的形成看做是一种对称性破缺，那么对称性破缺得越多，导致进一步的新的对称性破缺的方式就会越多。

以上的化学事例可以使我們更加清楚地了解到在化学物质多样性的暴涨中物质和能量流动的联系。许多这样的反应都将放能过程和吸能过程联系起来了。随着它的发生，能量便从放能模式输送到必须通过吸能才能合成的产物中去。这些产物为了平衡生物圈和宇宙，于是变成了化学实际，又为再次进入化学相邻可能做好了准备。

我们再来看一看平衡统计学。其核心就是统计学依赖于相同类型的统计结论，如在相同条件下扔 1 万次硬币所得到的结论。我们都知道 5000 次朝上和 5000 次朝下的分布比所有硬币都朝上或所有硬币都朝下的分布更有可能。然后我得出一个一般性结论：随着分子多样性的增加，反应的多样性会增加得更快，而且从实际到相邻可能存在一个化学势。由上述一般性结论可知，分子物质以及其反应的多样性越大，那么更有可能出现放能反应和



吸能反应的耦合，从而推动为了平衡系统而出现的新的相邻可能分子的吸能合成，以便再次进入它的下一个相邻可能。虽然这些化学反应图的细节性统计形式到目前为止还不清楚，但它们似乎已经散发了“定律”的气息。在相同条件下扔硬币的平衡统计学的例子中，就好像是数学结构引起了物质和能量的结果行为。而在不可各态历经的例子以及非平衡的化学物质流入相邻可能的例子中，宇宙一直忙于多元化以获得更广的复杂性。

宇宙是无限复杂的，而且我们也许的确不知道这是为什么。是否需要新的思维方式来思考宇宙？如果仅仅是一瞥就可看做是有用的前期科学，那么这一章的任务只是为了提个建议，也许真的是如此。

事实上，并不是说宇宙就必须一定得是复杂的。你可以想象，受广义相对论支配的宇宙突然很快地发生了大爆炸，然后在不到一秒或者一个世纪的时间内由于快速地大摩擦而再次塌陷。或者是，你可以想象，受广义相对论支配的宇宙突然发生了大爆炸，然后不断地膨胀，但其复杂性并不比无边无垠又黑又冷的宇宙中的氢、氦或一些更小的粒子复杂。

于是看起来似乎不断膨胀的宇宙和缓慢收缩并出现大摩擦的宇宙被平衡了^①。

物理学乃至生物学中的基本理论到现在仍没有得到统一。爱因斯坦朴素的广义相对论，即在宏观尺度上有关时间、空间和几何^②的理论，可以不受限制地过渡到量子力学，而我们在微观尺

① 如果宇宙中没有足够多的物质，它将按逐渐增长的速度永远膨胀下去，这样的宇宙被称为“开放宇宙”；如果质量过大，引力最终将阻止其膨胀，使宇宙又收缩而形成一次大“坍缩”，这就是“闭合宇宙”。如果质量大小正好合适，宇宙也将永远继续膨胀下去，但速度要慢一些。这种情况下，宇宙是平坦的，处于开放和闭合之间的平衡状态。——译者注

② 在广义相对论的术语中，万有引力是由于物质与能量的存在而导致空间变形的结果。万有引力只不过是空间立体几何中曲率的另一个代名词而已。——译者注



度上的理论，有 75 年前形成的适用于波动力学的薛定谔方程，这也标志着量子力学的诞生。广义相对论和量子力学的实验验证都可精确到小数点后的第 11 个小数位。但不可否认，广义相对论和量子力学只是在某些情况下可以与实验吻合得非常好，在某些情况下又不能。达尔文的演化观点似乎与我们的基础物理学没有太大联系，被冷落一旁，尽管生物圈的演化明显是宇宙中的一个物理过程。物理学家不能逃避这样的问题而推诿说，“噢，那只是生物学。”

宇宙的复杂性

为什么宇宙是复杂的而不是简单的，这是一个合乎逻辑的问题，也是一个很深奥的问题。我一直很高兴能有幸结识李·斯莫林 (Lee Smolin)，他是专门从事量子引力和宇宙学研究的。这一章的大部分内容都体现在我与李和他的同事们的交谈中，以及与他们合作中。我这个生物学家还颇受他们的欢迎。有时局外人可以做出重要的贡献，有时局外人却遭人嫌弃。

闲话少说，言归正传。

在斯莫林《宇宙的生命》(*The Life of the Cosmos*) 一书中，他直截了当地提出了这样的问题——宇宙为什么是复杂的。当前粒子物理学家已经统一了四个基本力中的三个——电磁力、弱相互作用力和强相互作用力，这种统一被称之为“标准模型”。加上广义相对论，就可形成一个统一的框架，广义相对论是为了处理剩下的一个力：引力。粒子物理学加上广义相对论一起有 20 个自然“常数”，它们是标准模型和广义相对论的参数，比如普朗克常数 h ，精细结构常数，即电子静止质量与质子静止质量的比值，万有引力常数 g ，等等。斯莫林给这 20 个常数规定了合理的上下限，然后问道：在一个包含了这 20 个常数的所有可能值



的 20 维参数空间中，这个参数空间的体积要有多大才能与产生一个复杂宇宙的常数值一致呢？要知道这个复杂的宇宙中有星星，有化学物质，甚至还有生命。

斯莫林的答案就是，要想产生一个复杂宇宙的自然常数，其参数空间的体积大约为 1×10^{-27} 。也就是常数值的所有可能组合中的很小一部分才与化学物质、星星以及生命的存在一致。要想宇宙变得复杂，就得对常数作大规模的调节。

即使对斯莫林的结论作几个数量级的浮动也不能否定他的核心观点：我们的宇宙是在标准模型和广义相对论为通用理论的基础上组成的，这一事实不仅令人惊奇，甚至令人惊叹不已。

许多物理学家都研究过这些常数的调节问题。

对此问题有许多不同看法，有些甚至在斯莫林的工作之前就提出来了。其中有一个是以多元化宇宙以及“弱人择原理”^①为基础的。这个原理认为存在多元化的宇宙，不过只有那些复杂的宇宙因为有智者提出他们的宇宙为什么是复杂的这一疑问，它们才得以显耀生命的形式。因此我们在此提出了这样的问题只是意味着我们恰好处在众多宇宙中的其中一个比较复杂的宇宙上。这个结论通俗易懂，但却不能令人满意。

接着便出理了“强人择原理”^②，事实上，是经过了很长一段时间才提出的。这个原理认为，由于某种神秘的原因，宇宙被创造了，由此生命必须得以出现，以便来观察它和质疑它。很少有人认为强人择原理能算得上是一门科学。

斯莫林指出，对于宇宙的复杂性这一问题有两种可能的答案。要么是我们能找到一个自由的参数来描述（一种超理论），

① 弱人择原理认为，宇宙之所以是现在这个样子，至少部分是因为倘若不是这样，就谈不上谁来提这个问题了。——译者注

② 强人择原理认为，宇宙之所以是现在这个样子，就是因为构成宇宙的所有参数表明它不能不是这个样子。——译者注



它能产生类似于我们这个复杂宇宙的一些常数；要么是某些历史过程挑选了这些常数。斯莫林提出了“宇宙之自然选择”的可能性。在这里，子宇宙起源于黑洞。宇宙的黑洞越多，就会有越多的子宇宙。在子宇宙定律的常数中，给定最小的遗传变异，宇宙的自然选择将会选出这样的宇宙，其常数可以保证有着近乎最大值的黑洞形成。然后他接着论证道，根据非常粗略的计算，已知常数的大多数变动都将会降低黑洞的数量。李说他的理论可通过测试，比如通过推导出相应于有着近乎最大数目的黑洞的常数来验证他的理论是否是正确的。

我承认我很欣赏而且也很崇拜斯莫林。但我并不完全赞同他的假设，为什么？也许，我们都更喜欢有着这样结果的理论——任何宇宙都像我们的宇宙一样复杂，并且大致处于膨胀和收缩平衡之间。当然，我们目前还没有这样的理论。这一章剩下的部分便是针对这个方向提出了一些观点和一个研究方案。

我们首先要提到的还是一个当前最新的观点，即宇宙的大尺度结构和动力学。最新资料表明，在一个足够大的尺度上宇宙是平的，物质分布是各向同性的，而且不可思议的是宇宙在加速膨胀。如果这个最新的结果是正确的话，与几十年前所提出的一个流行并被人认可的观点发生了冲突，即宇宙的膨胀速度自大爆炸以来在缓慢下降。如果假定宇宙恰好平衡在持续地膨胀和最终的塌陷之间，就要求宇宙的膨胀速度不断下降，但不会停止。

要想解释一个平坦的宇宙在持续加速地膨胀，方法之一便是重新将爱因斯坦的“宇宙学常数”引入到广义相对论的场方程中，一个正的宇宙学常数可以看做是物体之间的斥力，斥力会随着物体间的距离的增加而增加。有些物理学家认为正的宇宙学常数一定与自由空间中的某些新能源有关。这个新能源目前还未知。



量子力学和经典性

在谈及深奥的量子引力之前，还是让我们先来回顾一下量子力学的基本原理。许多读者都应该非常熟悉双狭缝实验，它展示了量子干涉的本质特征。费曼（Feynman）在他著名的有关物理学的三卷讲义中，非常简练地揭示了其神秘性。我们从开枪射击子弹谈起。让子弹穿过金属板上两个洞中的一个，继续向前飞行，打在铺满平整沙子的盒子里。子弹穿过其中任何一个洞时，由于碰着了洞壁都会发生轻微的偏移。这样在金属板后的沙平面上我们可以找到两堆子弹，而且我们也真正地找到了，每一堆都反映了子弹从枪膛到相应的洞到沙平面的飞行线，子弹的密度呈高斯分布或者呈标准的铃形分布，每一堆都有一个峰值。

当把子弹换成单色光后，记录如下：如果光射在光子计数平面上（沙平面被换成了光子计数平面），我们发现每次光射在平面上，其能量冲击的大小是一样的。一个给定波长的光子有着固定的能量。光子要么被记录在光子计数平面的一个点上，要么没有。不管光子是什么时候被记录的，总的能量都可在那个平面上被探测到。现在如果只有一个洞是开着的，我们可以得到一个高斯分布。如果光子无损失地穿过洞，便可成直线地到达光子计数表面。之所以呈现高斯分布是因为某些光子由于碰到了洞的边缘面发生了轻微偏移。

但是如果两个洞都开着，我们便观察到，从光子计数平面的中央开始向外分布着具有明暗相间的干涉圆环，光子计数平面中央的峰实际上就是当洞1和洞2开启时所形成的峰。当然，如费曼所指出的，在经典物理学里是无法解释这种奇特现象的。

量子力学的建立就是为了解释这个现象。薛定谔方程是一个波动方程。从光子枪发出来的波是具有一定“几率幅”的球面



波。空间中某一点处的几率幅是在那一点处发现光子几率的平方根。为了得到实际的几率，必须将几率幅平方。

薛定谔方程一个重要的特征就在于它的线性关系。如果有两列波同时在传播，那么它们波的和以及差也在传播。正是因为量子力学的线性关系才使得从量子世界到经典世界的过渡如此困难。于是量子力学最大困惑变成了可能事件的量子世界与真实事件的经典世界之间的关系，而且可能事件中的几率还是可以传播的，但不会变成现实。

将量子世界与经典世界联系起来的方法有很多。其中一种是“哥本哈根解释”（Copenhagen interpretation），它谈及的是“测量事件”，当量子物体与宏观经典物体，即测量仪器，发生相互作用时，一次测量事件就会使传播几率变成实际，从而使得波函数“坍缩”。另一种方法是埃弗雷特（Everett）的多世界假说，他认为每当要做出一个量子选择时，宇宙便分裂成两个平行的宇宙。大多数人都不同意埃弗雷特的解释，也很少有人对哥本哈根的波函数坍缩一说确信不疑。

另外还有两个经常用来联系量子世界和经典世界的方法。一个便是费曼的对所有可能的轨迹成历史作和的方法^①。在量子力学中，当光子从光子枪穿过带有两个狭缝的屏幕到达光子计数器表面时，我们可以任意假想一条可能的路径。每一条路径，总有一个明确的过程来指定一次“作用”。作用可以看做是具有几率幅和相位，而且相位可以沿着路径多次旋转 2π 。按照费曼的意思，经典轨道相应于具有最小作用的量子路径。

若按费曼所说，所有路径起始于光子枪而终止于光子计数器表面某一点上。若这些路径近乎平行，近乎成直线，它们就有着近乎相同的作用，那么，当这些路径相互作用时，它们有着近乎

① 即费曼的路径积分方法。——译者注



相同的相位，而且它们的相互作用产生了相长干涉，相长干涉往往可以增强几率幅。这样，位于经典路径附近的路径发生相长性相互作用以增强几率幅。相比之下，在如上的相同两点之间，若路径是迂回曲折的，则它们之间有着完全不同的作用，由此便有了完全不同的相位，它们间的相互作用也抵消了，也就没有几率幅可谈了。因此经典路径是同时对所有可能的路径（历史）作和后最有可能的路径，也是具有最小作用的路径。

结论很漂亮，但有两个问题：第一，费曼在他的理论中假定了一个连续的时空背景。然而我们将会看到，量子引力决不允许存在这样的假定。空间或几何个个都是分离的自我构建的物体。因此，只有对量子引力理论扩展后才有可能获得一个平滑的时空。如果费曼在对历史作和时必须假定一个平滑的时空背景，那么它就不能被看做是量子引力理论最基本的原理。第二，姑且承认有一个连续的时空背景，费曼对所有历史求和也只是给出了光子经历经典路径的一个最大的几率幅，它不能给出到达计数器表面的一个真实的光子。在克服量子力学最根本的线性关系上，费曼做的也不是很成功。我们仍得依赖坍缩波函数。除了这些问题之外，费曼的结果是非常卓越的，至少我们看到了经典世界和量子世界之间的联系，要不是因为打在计数器表面的真实的光子的话。

不过还有另一种联系量子世界和经典世界的方法。这个方法是以“消相干”现象为基础的。当量子相干的薛定谔波在传播，并且当这个量子系统与一个有着许多耦合变量或自由度的量子系统相互作用时，便出现了消相干。结果便是第一个量子系统的薛定谔波函数以非常复杂的方式与另一个复杂的量子系统（我们可将其看做是环境）联系起来了。就像沿着崎岖不平的海滨线前进的水波旋进了细小的角落或狭窄的裂缝一样，代表着最初量子系统的相干薛定谔方程也会旋进到代表环境的量子系统的无数种细微的相互作用的模式中去。这种混合的结果便是消相干。



为了理解消相干，你得先理解干涉现象的出现——干涉现象是上述双狭缝光子实验中代表量子力学的标志性现象，干涉现象的出现要求在对到达了光子计数器表面的每一个点的历史的作和过程中，确确实实所有可能的传播路径都到达了那个点。如果有些点没有到达，那么对整个历史的作和便失败了。事实上，如果有些相信息——它恰好是相长干涉与相消干涉的核心部分——在量子系统与它的环境的错综复杂的相互作用中丢失了，那么我们不能将这些相信息重新集合起来以产生量子干涉。

消相干被许多物理学家所接受。比如，在试图制造量子计算机的过程中，由于量子力学的线性特征，量子计算机可以同时完成多个计算，在获得复杂的量子计算中，消相干目前只是一个技术上的难题。

因此，消相干提供了一种丢失相信息的方法，由此以一种并不神秘的形式坍缩了波函数。于是有些物理学家希望消相干能提供联系量子世界与经典世界的一种自然联系方式。在这些物理学家中值得一提的是詹姆斯·哈特尔（James Hartle）和马瑞·盖尔曼（Murray Gell-Mann），他们的观点反映在盖尔曼的《夸克与美洲豹》（*The Quark and the Jaguar*，编者注：该书已由湖南科学技术出版社出版）一书中。事实上，哈特尔和盖尔曼希望我们考虑“宇宙的量子态”以及宇宙从其初态开始的所有可能的量子历史。而宇宙的某些历史恰好是消相干的。哈特尔和盖尔曼认为，宇宙的消相干历史相应于经典世界，消相干历史中的几率可以被指定，而不仅仅只是几率幅。也有一些人则认为用消相干来解释经典行为是不充分的。

很明显，对于量子世界和经典世界的联系存在两种独立的解释，一种是费曼的在平滑的时空背景下对所有历史作和，一种是消相干。对一个局外人来说，很难相信两者都是正确的，除非有一种方法能从一种观点推出另一种观点。下面我就试图给出这样



一种可能性。尤其是，我希望出现这样的情况：量子几何的消相干是首要的，它能产生一个平滑的时空背景，这样费曼对历史作和的方法也是正确的了。

外行们的困惑

下面我要给出的是外行们对量子力学的某些核心观点可能会产生疑惑的理由。罗伦·欧姆内斯 (Roland Omnès) 在《量子力学的诠释》(*The Interpretation of Quantum Mechanics*) 一书中，一心认为消相干是通往经典力学的可行方案。在他的讨论中有两点值得注意：其一是对量子力学的基本预言的考虑。量子力学是在希尔伯特 (Hilbert) 空间中描述的。希尔伯特空间是有限维或无限维的复杂空间，也就是空间由有限或无限个复杂矢量组成。事实上，基本预言就是“可观测量”的一个测量结果，可观测量会从一组可能的值中被确定下来得到一个确定的值。因此欧姆内斯第一个惊人的观点就是，他认为所有可能的可观测量都可在希尔伯特空间中得到描述。第二个惊人的观点是他认为有些可观测量不能被观察到。

第一个观点之所以惊人，是因为所有可能的可观测量都可在希尔伯特空间得到有限描述这一点恐怕并不那么一目了然。我的观点还是跟从前一样，我们不可能有限预言生物圈的位形空间。并不是有机体各个部分的所有可能的前因后果都会有一个有限的描述，尽管这些前因后果在我们的生物圈或任何一个生物圈中都是有用的适应，尽管它是通过有意识的演化出现的，并通过生物圈而不断进入相邻可能。

在量子力学中，一个可观测量相应于一个数学“算符”，而算符又可以“映射”出相应于经典测量中可观测量的希尔伯特空间的子空间，经典测量在有无可观测量的情况下都可进行。生物



圈是宇宙的一部分，葛楚德这只飞翔的松鼠所演化出的翅膀就是一个明显的可观测量，尽管它是一个经典的可观测量。如果我们不能有限预言可观测量——葛楚德的翅膀，那么我们就不能有限地预言作用在希尔伯特空间上的一个算符能否探测到葛楚德翅膀的存在。简而言之，似乎没有办法预先指定将要与宇宙的演化相关的量子或经典变量。

这表明上述问题有赖于广义相对论的时间问题。就像斯莫林从我们的谈话中所意识到的一样，我下面会谈到的。

现在我们来看一看欧姆内斯一书中所要注意的第二点。欧姆内斯继续对以上问题进行研究。可观测量要求有测量仪器。有一些可观测量会因为测量仪器太笨重而造成黑洞的形成。通过测量没有得到任何信息，这又会被传播到黑洞之外的外部世界。

很奇怪的现象：即使我们能有限预言所有可能的可观测量，但仅有某些可观测量能使它们自己在物质世界中被观察到。

原则上对于那些不能被观察到的可观测量我们应该怎么做呢？对外行来说，更重要的是以下事情：如果将一个量子系统耦合到其他系统后，不管它是量子的还是经典的，观测发生了，因此消相干也发生了，同时经典性也出现了，因为相信息的丢失排除了所有的相信息再重新集合以产生量子干涉的可能，那么可观察到的观测测量与消相干一定会有某种联系，通过这种联系，一些实际的东西渐渐从量子几率幅的迷雾中显现出来。

如果这个观点是正确的，那么原则上只有那些能使它们自己被观察到的观测测量才会变成实际。而且，似乎不可避免地我们得考虑这样一些特殊的可能的量子系统对，它们能耦合并且能消相干，而且仅有这些对才能通过消相干变成经典的。于是当考虑同时测量量子系统对时，这意味着宇宙存在优先的历史。何谓之优先，也就是同时测量的那些消相干并且变成经典了的量子系统对，由于经典的不可逆性，往往会累积到一起。由此，造成量子



系统消相干的量子——经典系统对往往会优先地累积到经典性。

如果同时测量产生了经典性，而经典性又是不可逆的，那么经典世界就会开始共同构建自己。尤其是系统越大，就拥有越多的耦合自由度，当它们相互作用时，消相干就会比一些小系统来得更快，这一点已广为人所接受。如果是这样，我们可以把同时测量量子系统时所出现的宇宙的优先历史这一说法精练为优先出现经典的多样性和复杂性。如果当量子系统相互作用时，有着更多耦合自由度的量子系统不可逆地以更快的消相干进入了经典行为，那么消相干动力学将会持续对更大更复杂而不是更小、更简单的量子系统的不可逆累积有利。

化学就是一个例子。分子是量子物体，可以进入化学相邻可能。相邻可能会随着分子多样性以及分子复杂性的增加而更快地增加。复杂分子的反应是耦合量子系统，是可以发生消相干的量子系统的最恰当不过的例子。复杂分子间反应的消相干肯定比简单分子或者比相同体积中具有相同数量的原子、核子以及电子间的反应的消相干快得多。这个假设还有待实验验证。如果这一点得到了证实，那么，当复杂分子彼此耦合并相互作用时，这些复杂分子的消相干一定会使得量子系统向化学相邻可能的流动变得不可逆。

如果复杂的量子系统能以更多的方式与其他复杂的量子系统而不是简单的系统耦合并相互作用，如果耦合的方式比系统的多样性增长得还快，也比量子物体的复杂性增长得还快，如果我们真的可以得到这些普遍性质，那么消相干一定可以导出复杂的经典的实体和过程的累积。下面我还会谈到这一点。

广义相对论的时间问题

令我高兴的是，我竟然能与李·斯莫林共同合作完成一篇有



关广义相对论的时间问题的文章。李是这方面的专家，但他也认真听取了我所说的生物圈的位形空间不可有限预言这一观点。

在广义相对论中，时空作为一个整体取代了时间加空间。历史变成了时空中的一条“世界线”。但这条世界线在时空中变成了一个几何图形。在广义相对论中，时间本身似乎消失了，取而代之的是时空中的一条世界线。

但是李和我都认为，广义相对论假定了我们能预言宇宙的位形空间。在这个被预言的位形空间中，世界线仅仅只是一个几何图形。如果我们不能预言宇宙的位形空间会怎样呢？如果是这样，我们就根本不能采用爱因斯坦的杰作，纵使广义相对论除此之外是完全是正确的。举个具体例子，李指出四维流形（four-dimensional manifold）就不是可分类的。

如果事先不能预言宇宙的位形空间，我们该如何做物理呢？李假定了自旋网络（下面将会谈到），其中宇宙从某个最初的自旋网络开始构建自身。在李所描绘的这幅图片中，时间和时间的推移都是真实的。如果有这样一个框架，其中时间能自然地出现，并自然地流动，或者说时间存在一个从过去到未来的箭头，那么，在所有其他可能的结果中，最有可能的是我们会打破物质—反物质的对称性，因为反物质可以被看做是相应的物质在时间上反向流动。打破了基础物理学中时间的对称性，你就可随意打破物质和反物质间的对称性。如果时间更喜欢从过去流向未来，那么物质就将支配着反物质。如果物质支配着反物质，这倒是方便的，只是没有谁知道这是为什么。

我们还会在这个方向上继续前进。

自旋网络

自1926年矩阵力学的出现以及量子力学的薛定谔方程的形



成后，已经过去了 60 余年，尽管我们在量子引力方面取得了巨大的进展，但这仍是很不够的。在过去的几十年里，量子引力论形成了两种方法，弦论和自旋网络。弦论似乎更受欢迎一些。

自旋网络^①是 30 年前罗杰·彭罗斯 (Roger Penrose) 在考虑量子化的几何结构时发现的。不可思议的是，当洛维里 (Carlo Rovelli) 和斯莫林 (Lee Smolin) 在试图将广义相对论量化时也出现了自旋网络。简单地说，量子力学和广义相对论的区别就在于量子力学的线性关系和广义相对论的深度非线性关系。

基于阿斯得卡 (Astekar) 和他的同事们的工作，洛维里和斯莫林用某种类似于正则量子化的方法研究了广义相对论。广义相对论是以时空中的度规张量为基础的。度规张量是一个 4×4 的对称张量。结果表明这个张量可以产生 7 个约束方程。7 个中有 6 个的解是自旋网络。第 7 个方程的解用来产生哈密顿函数，由此在时间 $\times$ 空间的量子引力论中得到自旋网络的时间展开。

自旋网络理论可以在不同的维数上构建。最熟悉的两个例子便是二维空间加一维时间或者三维空间加一维时间。我们具体关心的是三维空间加一维时间的自旋网络。在自旋网络中，最小的物体便是由分立物体所组合成的四面体，四面体有 4 个顶点和 3 个三角面。一个四面体代表一个分立的基本几何结构或空间。在这些四面体的棱和顶点上标有整数值。标在棱上的数代表自旋状态，标在顶点上的数代表“缠绕量” (intertwinors)，用来表示连接到一个顶点上的棱是怎样连进或连出这个点的。

我们主要研究的是四面体一个面的面积以及这个四面体的体积。目前还没有办法表示出两个顶点之间的棱的长度。另一方面我们可以用四面体一个面上的 3 条棱的整数值来表示四面体的面

① 自旋网络：自旋网络是量子引力论中量子几何结构的状态，用来解释为什么分离的空间在我们眼里看来却如此平滑。——译者注



积。由此，整数值越大，面积就越大。

几何结构可通过最小的移动来构建，又称为“帕奇勒移动”(Pachner move)，其中，一个给定的四面体可以由每个面又产生一个小四面体^①。而且几个四面体还可以合并成一个四面体。

这样我们就可以画出一个初始的自旋网络，也就是一个四面体。类似于化学单质和化合物，化学反应图中的基组和化学反应图中的相邻可能，我们也可以将初始的四面体看做是基组，记为 γ_0 。再考虑通过一步帕奇勒移动构建相邻的自旋网络，让这些相邻可能的自旋网络位于 γ_1 。然后考虑从基组经过网步帕奇勒移动，或者从 γ_1 自旋网络经过一步帕奇勒移动而构建新的自旋网络，我们将这组新的自旋网络记为 γ_2 。

如此迭代，我们可以构建这样一幅图，它连接了基组自旋网络，以及由它面产生的1步帕奇勒移动的“子代”，2步帕奇勒移动的子代…… N 步帕奇勒移动的子代。

每一个 γ 链中的每一个自旋网络代表一个特殊的几何结构，而且共用同一个三角面的网个自旋网络四面体对它们的公共边必须指定相同的自旋符号，也就是公共面有着相同的面积。

棱的自旋值的改变，也就是四面体的面积和体积的改变，都可看做是几何结构的变形，即几何结构以不同的方式发生弯曲。然而要强调的是，在这个分离的图片中没有连续的空间或连续的时空。几何结构仅仅只是一个自旋网络，几何结构的改变也仅仅只是自旋网络的四面体结构发生了改变，而这种改变无非是通过增删四面体或改变四面体棱的自旋值而实现的。

在量子力学中薛定谔方程也会出现分离值，我们通常就是将演化的几率幅从初始分布开始对时间求平均。而且，这种对演化几率幅求平均关心的是所谓的“基幅”(fundamental amplitudes)，

^① 比如在一个四面体内选一点，然后与四面体的四个顶点相连。——译者注



它在帕奇勒移动前后都指定了棱的始末整数值。

对于一个由自旋网络构成的图，它可以包含初始四面体 γ_0 ，以及由它而产生的子网络 $\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_N$ ，其中 N 可以无限制增加。

大尺度经典限制的突现

现在我将给出一种思考量子引力理论以及平滑的大尺度几何结构突现的方法，它们都是基于费曼对所有历史求和的思想。使整个自旋网络具有相同的基幅，而且在自旋网络图中，处处用到了相同的传播几率幅的规则。一开始所有的几率幅都集中在初始自旋网络 γ_0 的四面体内。按照这种观点，从 γ_0 到 γ_1 的一次帕奇勒移动花费一个时间单元。类似于费曼对所有可能的历史求和的思想，考虑这样一组所有的路径：起始于初始四面体 γ_0 ，经过 N 个时间间隔后，到达一个特定的自旋网络 γ_N 上，如 $N=1000$ 。这样，自旋网络就可以位于 $\gamma_0, \gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_N$ 的任何一个 γ 链上。

这是直觉，但很有可能是对的。如果我们考虑起始于 γ_0 ，结束在一个特定的自旋网络 γ_N ($N=1000$) 上的所有历史，这些路径可能非常相似，但数量很少。相比之下，如果我们考虑所有长度为 1000 的路径，它起始于 γ_0 四面体，当遍历了所有的自旋网络图之后，结束在 1000 步之后的一个特定的自旋网络上，如 γ_{23} 上。这些路径很可能截然不同。现在，几率幅沿着任何一条路径传播时，一次作用可以认为与一步帕奇勒移动有关。由此我们可以和费曼一样，考虑起始于 γ_0 四面体，但结束在一个特定的自旋网络上的长度为 1000 步的所有路径间的相长干涉或相消干涉。给我们的直觉是：起始于 γ_0 ，但结束在 1000 步帕奇勒移动，即 γ_N ($N=1000$) 的自旋网络上的所有路径有着近乎相同的作用，



由此表现出强烈的相长干涉。相比较而言，起始于 γ_0 ，但结束在 1000 步帕奇勒移动之后的一个特殊的自旋网络 γ_{23} 上的所有路径，它们有着完全不同的作用，因此表现出强烈的相消干涉。

如果到达链 N 的几个路径中的相长干涉比其内的其他链（如链 23）的相长干涉要强——这主要是由于从 γ_0 到 γ_{23} 拥有更多数量的路径，那么最有可能的观点就是，几率幅往往会在 γ_N 链中累积。然后，以下观点是与斯莫林共同得出的， γ_N 链的相邻自旋网络在对到达它们的所有历史作和的过程中，形成了近乎相同的几何结构和近乎相同的作用，这表明一个平滑的大尺度的几何结构出现了。

要使这个理论成立，并不需要几率幅优先在 γ_N 链的最外层累积。重要的是随着 N 的增加，一定存在某个链 M （ M 小于 N ，但随着 N 单调增加），使得有着足够多相似相位的足够多的路径结束在链 M 的成员上，这样，链 M 的成员的相长干涉便达到了一个最大值。而且，随着 M 和 N 的增加，几率幅继续在第 M 个链上累积。

简而言之，我的观点就是，当几率幅在自旋网络图中传播时，通过相长干涉和相消干涉，大尺度的平滑的几何结构可以积累几率幅，从而积累几率，于是一个平滑的经典几何结构便出现了。这至少可以看做是平滑的几何结构可以从自旋网络和相长干涉中出现的原因之一吧。

最后还要作三点申明。第一，对这样一个模型还没有做任何计算，因此这样一个理论可能是行不通的。第二，费曼对所有历史求和时假定了一个经典的连续的时间和空间，于是在这种量子几何结构中，可能根本不能运用对所有历史求和的方法。第三，就算我们能够运用费曼对所有历史求和的方法，我们所拥有的仍然只是可能的量子几何结构，而不是一个实际的几何结构。



自我选择定律和自然常数

如果有的话，什么样的过程可以“选择”标准模型中的 20 个常数以使得宇宙不可思议地恰好变得复杂了。这是一道难题，而且还很有神秘感。目前我们有很多种观点来回答这道难题，如人择原理，斯莫林的适用于黑洞密度的宇宙之自然选择的观念，以及希望找到最终的自由参数的理论——它不需要有多元化的宇宙或一个历史过程。

请注意，我将简要地给出一个有用的办法来思考常数的出现，以使任何宇宙都有一组给定的常数。

调节常数相当于调节物理定律。是否存在一个自我调节的宇宙，它能挑出恰当的常数值，调节它自己的定律？我想答案很可能为“是”。也许以下阐述会出现某些细节性的错误，但我想整个思维方式还是正确的。

在自旋网络图中，一个“15J”符号（15J 符号在自旋网络图中随处可见），可以产生一个薛定谔方程的类似，也就是在自旋网络图中对传播几率幅求平均的方法。这样，15J 符号中的一个改变就相当于改变了几率幅传播的物理定律。

而且，基幅是 15 个整数值的一个有序排列，便存在一组所有可能的基幅。因为每一个基幅都可看做是自旋网络间传播几率幅的“定律”，因此路易斯·克兰（Louis Crane）指出，自旋网络间所有可能的传播几率幅定律是无限的。

这样，假想有无限个自旋网络，每一个自旋网络图都可以通过 N 步帕奇勒移动后从 γ_0 四面体直到 γ_N 四面体（ N 可任意大）。无限个自旋网络图中的每一个成员都在基幅上，即定律上不同，每一个自旋网络图都有适用于它自己的基幅（我认为很有必要对适用于每一个自旋网络图的基幅编码）。



现在考虑每一个自旋网络图的几率幅是怎样从所有几率幅都集中在 γ_0 四面体上的初始状态开始传播的。考虑任意两个自旋网络图，它们的基幅只有微小区别。虽然相近的自旋网络图有着相近的定律，但定律中很小的改变可能会造成自旋网络图中几率幅传播的巨大变化。但也有时候，基幅或定律的很小改变对几率幅在自旋网络图中的传播方式没有多少变化。假定后一种情况是正确的，从直觉上可以想象得到，整个系统被自发地引向了基幅定律的可调节的值，其中定律中小的改变对几率幅如何传播影响不大。

一个简单的可能的机制也许可以实现这一点。想象在自旋网络图的对从初始 γ_0 四面体开始的所有历史求和，自旋网络图具有给定的基幅（定律），也就是指定了初始条件和边界条件，并且这组历史中的所有路径会在所有的自旋网络图中上下移动，从而改变基幅（定律），然后考虑结束在某个具体的 γ 自旋网络链上的所有这一束历史。自旋网络的 γ 链给定了，也许基幅定律也就定了，当然也有可能基幅定律发生了改变。事实上，这样说是为了说明自旋网络在对历史求和的过程中会出现量子不确定性，而且几率幅传播的定律也会出现量子不确定性。

然后你可以考虑对所有的历史求和了，历史通过相长干涉挑选出了一些路径，即基幅定律。这些路径都可以使几率幅传播的方式发生最小改变。这些路径可以有相似的相位，以便通过相长干涉积累几率幅。然后仅仅是通过相长干涉，我们希望出现这样一个过程，它不仅可以挑选出历史，而且也能将基幅定律调节到最大化相长干涉的位置。而且这个相长干涉能挑选出平滑的大尺度的几何结构，就像经典的平坦空间或近乎平坦的空间一样，这是完全有可能的。在这个大尺度的类似于经典的时空里，费曼的对所有历史求和，并最小化了沿着经典轨道的一个最小作用就必然会出现。

斯莫林和我在接下来的文章里讨论了这种可能性。我觉得这种观点作为一种研究方案倒是很吸引人，因为它提供了一种方法，其中，一个已知的过程，如相长干涉，经变换后同时对几何结构和定律空间作用便可以选择定律。我还有一个更冒昧的想法就是定律中存在着量子不确定性，这并不是不可能的。

粒子物理学家用一种更美妙的方法从抽象代数 $SU(3) \times SU(2) \times U(1)$ ，建立了标准模型^①。你可以考虑一个类似的研究方法，通过相长干涉挑选出标准模型的粒子、常数和定律。也许受那些不是定律但又非常“接近”定律的定律支配的粒子也能够相互作用，由此经历相长干涉或相消干涉，并同时挑选出粒子和定律。

还有一个更有趣的特征，似乎在自旋网络图中，存在一个新的时间箭头。假定在任何一步任何一个帕奇勒移动都能发生。有些移动增加了四面体。或许也有相同数量的移动删减了四面体。而且链 $(N+1)$ 上的自旋网络数总比链 N 上的自旋网络数要多。因为从统计学上来说，从链 N 到链 $N+1$ 的方式要比从链 N 到链 $N-1$ 的方式多。其他情况也是一样，几率幅往往会从 γ_0 四面体开始向外传播。这有点类似于化学反应图中向相邻可能的膨胀以及穿越了从实际到相邻可能的界线的真正化学势。

如果是这样，时间会因为自旋网络图的结构而非对称地出现。然后，从统计学上来说，时间往往会朝一个方向流动，从简单的自旋网络到复杂的自旋网络到不断膨胀的相邻可能。

① 标准模型：描述弱相互作用和电磁相互作用的统一理论是 $SU(2) \times U(1)$ 规范场模型，描述强相互作用的理论是 $SU(3)$ 规范场模型。这两个模型统称标准模型。——译者注



对弦论的简单说明

弦论作为“万物至理”受到了广泛关注，所谓“万物至理”就是这个理论将标准模型中的四个力和所有粒子都统一到了一个框架中。有关弦论我全然是个外行。不过很有可能的是定律的概念与弦论有关，这里的定律是指在自旋网络和定律这样一个空间里，在对所有可能的历史求和的过程中，通过最大化相长干涉而选择了自身的定律。本书对于弦论的描述主要是基于布瑞恩·格林（Brian Greene）的《宇宙的琴弦》（*The Elegant Universe*）一书（编者注：该书已由湖南科学技术出版社出版）。

当基本粒子不再看做是零维点粒子时，便产生了弦论，对于许多不是从事物理学研究的人来说，对此恐怕仅有一个大致的了解。在弦论最初的观点中，用弦代替了点粒子，弦论假定了一个一维的开弦，有两个端点，或者是一根闭弦，没有自由端点。弦论的基本思想就是不同的粒子和不同的力可以看做是弦的不同振动模式。因为弦的长度有限，这样，当我们试图在连续的时空中将点粒子量子化理论与广义相对论融合起来时，弦论可以克服由此带来的无穷大。事实上，弦的有限长度克服了空间在某一点变得无限弯曲的问题。这样，弦论有望统一量子力学和广义相对论，事实上，它在处理万有引力、重力等方面也确实有了一些实质性的进展。

当前弦论的发展已经远远超出了一维的弦，现在已经开始考虑二维或更高维的弦，我们称之为 M 膜理论（ M branes）。目前有资料表明至少有五个一维弦理论和一个 M 膜理论。由于理论间的各种双重性，所有这些理论都或多或少有所联系。

弦论假定了一个十一维或比十一维略少一些的一个时间和空间，其中空间维数中有三个可以展开成大尺度，相应于我们所熟



悉的三维空间。剩下的维数都被看做是在普朗克长度标度上的弯曲，普朗克长度标度又称为“卡拉比-丘 (Calabi-Yau) 空间”，或更一般的，称为紧化模量 (compactified moduli)。十一维时间和空间的紧化可以被看做是一个大尺度的三维的时间和空间，剩下的维数都在这个大尺度的三维空间中的每一点处向上弯曲。

卡拉比-丘空间可以有不同的拓扑。比如一种像一根长而细的试管，有两个端口，另一种则是中间挖了一个洞的环面。这两者在拓扑上是不同的。结果就是，闭合的一维弦环能以不同方式在这些表面“存活”下来。这样，如果你将一根弦看做是一个闭合的环，那么环可以以两种方式存活在长的试管上，一种是一次或多次地缠绕在试管上，另一种就是没有缠绕在试管上，但位于试管表面上，就像一根橡皮圈放在一个表面上一样。现在我们再来看环面。闭合的弦也能以两种方式存活在环面上，要么是穿过洞，要么是放在环面上。而且弦环放在环面上也不会弯曲什么维数。位于试管或环面上的方式以及相应的振动模式构成了不同的粒子和力。卡拉比-丘空间比试管或环面要复杂得多，但基本结果是一样的。不同的卡拉比-丘空间，或者说紧化模量，具有不同类型的洞，绕着这些洞，弦可以缠绕 0 次、1 次或多次，这些不同的卡拉比-丘空间就相应于具有不同粒子和力的物理定律。

而且物理学家还指出，一个卡拉比-丘空间只须“轻轻”地划破时间和空间就可平滑地变形到另一个卡拉比-丘空间。由此，定律、力和粒子能在定律、力和粒子所构成的空间中变形成彼此。按照目前的弦论似乎还并不能确定一个卡拉比-丘空间的弦或 M 膜能真正地相应于已知的粒子和力，但期望值很高。

然而，即使存在一个卡拉比-丘空间，它的弦或 M 膜确实相应于我们所已知的粒子和力，弦论也仍然面临着困境，那就是我们并不清楚当前的宇宙是怎样恰好选择了正确的卡拉比-丘空间。有关这一问题，大家比较熟悉的观点有多元化宇宙和弱人择原



理。例如，斯莫林认为，卡拉比-丘空间的选择会导致产生很多宇宙，它们都有着近乎最大数目的黑洞，而这些黑洞又是更多宇宙诞生的源泉。

一个是具有不同基幅定律的自旋网络，一个是能变形成彼此的弦和 M 膜理论，这两个理论中都有这样的共同性质，即每个理论中的不同成员都相应于不同的粒子、力和定律。在两种情况下，尽管摆在我们面前的物理内容很丰富，但物理学家们到目前为止还没有形成一个理论可以解释为什么我们的宇宙恰好选择了正确的定律。因此我提出了这样的建议：其推理方式与上相同，对位形上和定律上都各不相同的所有轨道的历史求和，这个和将会最大化相长干涉。也许这种建议能提供一种有用的方法。在弦论中，我们可以考虑卡拉比-丘空间的多维空间，其中相邻的卡拉比-丘空间能够以不同方式从相同的初始条件向外传播几率幅。也许，在这个多维空间的某些地方，卡拉比-丘空间中的小改变造成了几率幅在如何传播上的小改变，而在这个多维空间的某些地方，卡拉比-丘空间中的小改变会导致几率幅在如何传播上的大变动。在卡拉比-丘空间的多维空间中，一个卡拉比-丘空间可以变形成它的相邻空间，那么，完全有可能的是在相同的或不同的卡拉比-丘空间中，对两个始末状态之间的所有轨道历史求和，然后在历史中寻找最大化的相长干涉的和。希望是相长干涉的最大化能挑出相应于我们的粒子和力的卡拉比-丘空间。也许在这样的卡拉比-丘空间的多维空间中可以发生上述事情，即卡拉比-丘空间中的小变动造成了几率幅在如何传播上的最小变动。简而言之，相长干涉的最大化也许是理解宇宙如何选择它的定律的一个有用原理。

弦论学家们认为还有必要面对一些更重要的问题。最值得注意的是，弦论假定了一个时空背景，弦和 M 膜在其内振动。但是，如果弦论真的是包含了空间和时间的万物至理，那么空间和

时间就不能看做是一个背景。这样，自旋网络的一个优点就是从一开始它就假定了一个量子化的几何结构。另一方面，粒子和除万有引力之外的三个力还没有被统一到自旋网络图中。

研究量子引力消相干的自旋网络法

毕竟宇宙逃出了它可能的量子定律，出于某种原因，经典世界也出现了。以上我也谈过，当前理论有两种方法可以将量子世界和经典世界联系起来，第一个是基于费曼的对所有历史求和的方法，美中不足的是它假定了一个连续的时空背景，不能排除概率的线性叠加，而这正好是量子力学和量子干涉的关键之所在。

第二种方法——消相干又是怎样呢？消相干的实现已经被证实了。如果我们认真对待消相干，同时还对构建自身的几何结构加以考虑，那么也许消相干能够适用于构造自身的几何结构。将消相干运用到量子引力或真空，或几何结构中，这意味着什么？

对于一个外行来说，以下情况是完全可能的。如果我们考虑一个初始的自旋网络，如一个四面体，还有所有可能的子自旋网络，以及子自旋网络的子自旋网络，它们都在自旋网络图上传播着几率幅，那么从 0 时刻起，在经过 N 步移动之后的任一时刻至少有一个几何结构是可能的，即 N 步帕奇勒移动之后所有那些可以到达的自旋网络中至少有一个几何结构是完全可能的。

在将一群量子系统与另一群量子系统耦合起来时，我们似乎也面临着同样的问题，就像将电子与有机分子，或者将电子与岩石这样的经典系统耦合起来一样。这些量子系统是能消相干的。量子几何结构之间能彼此耦合吗，或者说变得消相干，或者一个量子几何结构的不同部分能耦合吗？

何不试一试呢？

现在我就要讨论有关这个问题的一种方法。这个方法假定一



次量子作用产生一个四面体，也就是一个普朗克能量或者说一个普朗克质量产生一个四面体，然后在一个足够大的质量和尺寸空间上消相干。

通过祖莱克所提出来的有关系统的消相干时间标度 T_d 与弛豫时间标度 T_r 之间的方程，其中不断增加的质量和面积以正比于它们产物的速度增加了消相干的速度，我们可以定量地证明（通过粗略地计算即可）几何结构完全有可能被看做是消相干的，并且是在 10^{-15} cm 的尺度上消相干的， 10^{-15} cm 小于电子的康普顿半径，更小于核半径。

对于这个粗略的计算有一些比较有意思的特征。第一，如果我们从一个初始的几何四面体开始，它可以产生四个子四面体。同样，每一个子四面体又可以产生两个或两个以上的子四面体，由此在消相干发生之前，初始的自旋网络在四面体的数量上成指数增长。这表明可以将纯量子化解释为起始于单个四面体的初始宇宙的指数膨胀。而且无须“宇宙膨胀假说”就可以得出这样的解释，“宇宙膨胀假说”是指大爆炸后的最初一段时间里经典空间成指数膨胀。

第二，初始几何结构的指数膨胀是可以克服的，就像宇宙膨胀假说是可以克服的一样。在宇宙学的粒子界限问题中，我们面临着这样的疑惑，为什么大爆炸以后失去了明显因果律的宇宙各个部分却还能如此相似。如果初始膨胀是成指数的，然后慢慢变成线性，就像在宇宙膨胀假说中的一样，或者像在这种纯量子方法中的一样，那么粒子界限问题是可以消失的。

第三，在几何结构的消相干发生之前，也就是在这种指数膨胀结束之前，一个有着高阶数量级的纯量子的指数膨胀也许会在宇宙中第二类生命刚刚出现之时，在很大尺度上对量子起伏产生一个平的能谱。

第四，当几何结构消相干时，我们必须考虑是否有几何结构



在以最慢的速度消相干。如果单个自旋网络的几何结构的不同部分可以耦合，很自然可以假定几何结构中平的部分比崎岖的部分消相干得慢。从直觉上来说，当一个几何结构的两个凹凸不平的部分耦合时，与一个几何结构的两个平滑部分耦合相比较，前者比后者的相信息更容易丢失。当然，对此问题的研究我们非常需要有一个明确的模型，但目前还没有。既然没有，那就权当是个假设吧。如此假定之后，平的以及弯曲的几何结构的初始的指数膨胀就出现了，直到消相干在一个长为 10^{-15} cm 的尺度上开始发生。在这一点上，平的几何结构“赢”了，因为它消相干得更慢一些。因此，在没有物质存在的情况下，几何结构的消相干一经发生，空间往往会趋向于平坦。

但是即使当消相干发生了，几何结构还是无时无刻、无处不在地成指数地构建几何结构，尽管同时也在消相干。而 Td/Tr 方程的一个有趣特征就是，不论每普朗克时间单元的几何结构的指数膨胀速度如何，消相干的指数速度 Td 会随着几何结构的质量乘以其大小的平方的增加而增加，直到几何结构形成的指数速度与消相干的指数速度平衡。宇宙的指数膨胀也随之结束了。然而几何结构构建的线性膨胀还在继续。从任何一个四面体开始，几何结构最快的线性构建速度可以达到光速。

当几何结构形成的速度与消相干的速度平衡后，几何结构还在处处尽可能快地构建四面体，不过按照假设，平的几何结构消相干得慢一些。在极限情况下，平的几何结构根本就不再消相干了。然后在没有物质的情况下，宇宙的几何结构往往趋于平坦，就像在广义相对论中爱因斯坦所要求的那样。再次申明，指数膨胀后的平坦性可以不再需要膨胀假说，并且可以解决粒子界限问题。

有趣的是在每一个四面体的产生中，一次作用 $\hbar$ 意味着当几何结构构建自身时，几何结构以及真空都有一个总能量的增加。事实上，你完全可以想象当几何结构增加时，给每个四面体的一



次作用 $\hbar$ 就会导致一个均匀的能量密度，一个标量常数。这样一种能量可能与宇宙学常数有关。

更有趣的是弦论假定了“向上弯曲”的“额外维数”以产生一个四维时空。几何结构的消相干也能产生一种向上弯曲的额外维数吗？而且几何结构即使在消相干时也能成指数增长，那么它们相应于六维或七维中弦或 M 膜的振荡模式，也能产生足够多的额外自由度吗？

有趣的是几何结构的能量与相同尺度下粒子的能量相比可能要大得多。这就使得有着静止质量的粒子也许能从它们的总体质量中借到很小一部分的真空能量。这样一种可能性暗示着物质、能量和几何结构能够彼此相互转换。也许在几何结构的自旋网络中，不同的粒子就是不同类型拓扑的“结”，可相互转换的粒子就是比较靠近的拓扑结。

很显然到目前为止还没有一个条理清晰的理论可以贯穿以上我所有的猜想，这些充其量只是对研究方案的一些建议而已。

共同构建的复杂性

这一章开篇我便提出了为什么宇宙是复杂的。我没有采纳人择原理或斯莫林的宇宙选择，而是建议通过对位形和定律空间中的所有历史求和来最大化相长干涉，以此研究自然常数的选择。就算这个方法是对的，也不能由此得出可以产生一个复杂的宇宙，更不用说一个处于膨胀和收缩之间的平衡的宇宙。

我们可以找到理解宇宙为什么是复杂的方法吗？也许可以，但仅是也许而已。我还是回到这一章最初的想法上来，即消相干要求系统耦合，并且相信息丢失。一般来说，当量子系统相互作用时，有着较多耦合自由度的复杂的高度多样性的量子系统在相信息的丢失上，比具有相同相互作用部分的相同数量的简单的低



多样性的量子系统要快得多，那么，同时测量这些错综复杂的量子系统就会变得更复杂、更多样化、更经典。简而言之，复杂性和多样性不可逆地产生了经典性。同时，这又会优先倾向于锁定复杂性和多样性。我有一种直觉，经典物体就像允许可以做功的能量释放时的限制一样。经典物体与量子物体相互作用后往往会导致消相干，并且变得更经典。容易消相干的复杂量子物体对，或经典物体对，以及那些与经典物体相互作用后变得容易消相干的量子物体，它们往往会优先形成容易消相干的对，然后冻结在经典状态。于是我们的脑海中便有了量子系统耦合与消相干时的优先对的概念，由此便有了构建自身的复杂的和多样化的宇宙，以及宇宙不可各态历经地进入相邻可能的概念，就像生物圈构建自身一样。如果更复杂和更多样性意味着复杂的量子系统有更多的共同测量和更快的消相干，就好比从更加细微的非平衡系统中提取功要求有更加精密的测量仪器和耦合装置一样，那么宇宙就得在新的实体得以存在时不断地打破对称性，由此尽可能快地扩大它的多样性、复杂性和经典性。

不严相的论点？是的。可测试的？处处都行。可能错了？也许。完全错了？不太可能。这使得宇宙到了膨胀与收缩的边缘了吗，或者说这使宇宙到了一个以更快速度膨胀的平坦宇宙了吗？我希望是如此。事实上我希望有这样一种观点，其中物质、能量和几何结构是可相互交换的。毕竟，如果几何结构（真空）真的具有能量的话，这种相互交换并不是不可能的。是否这一章更需要的是完善的模型和支持它的计算，而不仅仅只是建议？绝对是如此。这一章，就像《科学新领域的探索》中的大部分一样，是原初科学。但科学总是从原初科学发展而来的，因此我也将《科学新领域的探索》作为原初科学来认真对待。

我们步入了一个新的千年。科学也将进入一个新的时代。



后 记

合上《科学新领域的探索》，我又重新回到了还原论^①的迷惑之中。在史蒂芬·温伯格（Stephen Weinberg）的《终极理论之梦》（*Dreams of a Final Theory*，编者注：该书已由湖南科学技术出版社出版）一书中，他对于科学的统一举了一个很有说服力的例子，他认为我们对于“为什么”的回答往往而且最终一定会导致我们回到基本粒子和基本力上来。与此同时，他深感遗憾的是我们不能预测量子不确定性，不能预测混沌理论，不能预测安德森有关突现的“多则不同”的说法，不能预测对定律与历史的融合……

不过我怀疑温伯格的说法是否正确。难道我们对“为什么”的回答真的会导致我们回到最终的粒子和力上来吗？为了得到我所想得到的结论，希望你们姑且承认我的某些概念是可能的。让我们回到弦论以及由弦论学家们所提出的卡拉比-丘空间上来。如上一章所说，不同的卡拉比-丘空间将产生不同的粒子和力。假定真的有一个卡拉比-丘空间，它的粒子和力相应于我们现在的粒子和力。假定还有一些与之相似的卡拉比-丘空间，它的粒

^① 还原论：还原论认为，大的物体由小的构成，小的由更小的构成，找到最基本的构造，最大的物理构造问题也就迎刃而解了。——译者注



子和力也与我们现在的粒子和力很接近。而且假定这些相似的卡拉比-丘空间中的粒子和力也会产生核子、原子、化学反应、分子等，但这些原子、核子、化学反应和分子与我们现有的又有所不同。

根据当前的粒子和力理论，星星和超新星中一些元素的核合成，尤其是一些比氢、氦、锂还重的元素，大都是通过自动催化循环（又称为碳-氮循环，包含碳、氮和氧的循环）发生的。也就是说当前蜕变成元素的一些核子和核反应恰好使得这种特殊的自动催化循环得以形成。假定粒子、力和定律略微不同，即具有略微不同的核反应，那么，自动催化的核反应循环就可以形成。更一般的，想象有一个理论包含了这样一族卡拉比-丘空间和这样一族粒子、力、核子和核反应，那我们不禁要问，核反应网络的统计特征是什么，在这样一个粒子和力的空间中，自动催化的核反应循环出现的概率是多少。我们完完全全可以假定存在这样一组粒子、力和定律，其中自动催化的核反应循环可以形成，轻元素可以构建成复杂的原子核。

假定对于任何一种这样随之产生的不同化学物质而言，给定了卡拉比-丘空间的一组定律后，按照相应的量子化学，复杂的化学反应网络很可能会实现。而且假定这些化学反应网络的统计还会出现以下情况：只要有足够多的化学多样性，自动催化的化学系统就能够出现。而且还假定对于整个这样一族卡拉比-丘空间而言，希望出现自动催化组能够将放能反应和吸能反应连接起来以创造功循环。在所有这些情况下，我们希望运用这些不同的粒子、力和定律能够得到复杂的分子和自主主体，它们能按照达尔文的自然选择演化并构建生物圈。

要具备了什么条件，才可以说在卡拉比-丘空间的家族成员里，所有以上这些假定都是可能的？要怎样我们才可以大胆地说



我们已经将自主主体“还原”到化学，然后到物理，然后到基本粒子、力和定律？我自认为我们所要说的与之截然不同，因为我们已经发现，对于自主主体和生物圈的突现来说，卡拉比-丘空间家族中的任何一个成员都是充分的，但不是充分必要的。

事实上，我们似乎无意中发现还原论者有了一个构造论者的同伴。看一看形成了自动催化的核系统与化学反应系统的核反应网络和化学反应网络的数学特征，看一看自主主体所获得的功和催化任务的闭合，看一看自主主体所共同构建的传播组织，看一看不可各态历经的宇宙和生态系统所产生的巨大的相邻可能，这些都似乎变得跟定律，甚至跟基本定律一样合情合理，就好像还原论的成功让我们引以为荣一样。

下半个世纪的某个时候我们一定会开始研究微生物圈的共同构建，这些微生物圈将是由我们自己创造的分子自主主体组成的。我们将会亲眼目睹传播的多元化组织以及不可预期的适应性。我们将会寻找适用于任何生物圈的构造定律。我们将会建立一个广义生物学。我们一定会为此着迷。

《科学新领域的探索》只是这构造性科学的一个开端，我希望将来能在这方面取得更大的进展，为其美好前景增光添色。

蔡 勐

2003年9月30日



人名索引

- | | |
|-------------------|-----------|
| Alberts, Bruce | 布鲁斯·阿伯特 |
| Anderson, Philip | 菲利普·安德森 |
| Arrow, Kenneth | 肯尼斯·阿罗 |
| Arthur, Brian | 布赖恩·阿瑟 |
| Astekar | 阿斯得卡 |
| Atkins | 阿金斯 |
| Auerswald, P | 奥斯华德 |
| Bak, Per | 普·巴克 |
| Ballivet, Marc | 马克·伯利怀特 |
| Bartel, David | 大卫·巴特尔 |
| Bergman, Aviv | 阿维夫·伯格曼 |
| Berkeley | 贝克莱 |
| Bertha | 贝莎 |
| Blakeslee, Sandra | 桑德拉·布莱克思莉 |
| Boltzmann, Ludwig | 路德维希·玻尔兹曼 |
| Borrisov, Roumen | 鲁门·波里索夫 |
| Burke, Edmund | 埃德蒙·伯克 |
| Carnot, Sadi | 萨迪·卡诺 |
| Chaiten, Gregory | 格雷戈里·凯汀 |



Churchill	丘吉尔
Clausewitz	克劳塞维茨
Cowan, George	乔治·科安
Crane, Louis	路易斯·克兰
Crick	克里克
Daley, Andrew	安德鲁·戴利
Darley, Vince	文斯·达利
Darthvader	达斯韦德
Debreu	德布鲁
Dennett, Daniel	丹尼尔·丹尼特
Derrida, Bernard	伯纳·德里达
Edgeworth	埃奇沃思
Eigen, Manfred	曼弗雷德·艾根
Ellington, Andrew	安德鲁·艾灵顿
Everett	埃弗雷特
Erdos	爱尔特希
Feldman, Mark	马克·费德曼
Feynman, Richard	理查德·费曼
Fontana, Walter	沃尔特·方塔纳
Franklin, Benjamin	本杰明·富兰克林
Gell-Mann, Murray	马瑞·盖尔曼
Gertrude	葛楚德
Ghadiri, Reza	雷泽·葛哈德瑞
Gibbs, Willard	威拉德·吉布斯
Gillespie, John	约翰·吉勒斯比
Girvin, Andrew	安德鲁·戈温
Glass	格纳斯



Godel	哥德尔
Goldberg, Rube	鲁伯·戈德堡
Golden, Dan	丹·哥登
Gould, Stephen J	斯蒂芬·古尔德
Greene, Brian	布瑞恩·格林
Gross, David	大卫·格罗斯
Hamilton	哈密顿
Harris, Steven	史蒂文·哈里斯
Hartle, James	詹姆斯·哈特尔
Heisenberg	海森堡
Henderson	汉德森
Herriot, Jim	吉姆·赫里奥
Hill	希尔
Holland, John	约翰·霍兰德
Hopfield, John	约翰·霍普菲尔德
Hume	休谟
Huntress, Wesley	卫斯理·亨特利斯
Huxley	赫胥黎
Jackson, Wes	韦斯·杰克逊
Jacobs, Jane	简·雅各布斯
Jacob, F	雅各布
Jensen, Kirk	柯克·简森
Joyce, Gerry	杰瑞·乔依斯
Kant	康德
Keitt, Tim	提姆·凯特
Kiedrowski, Gunter von	冈特·冯·凯厄卓斯奇
Kirkpatrick, Scott	斯科特·科克帕特里克



Lobo, Jose	乔斯·洛勃
MacArthur	麦克阿瑟
MacDonald, Henry	亨利·麦当劳
Macready, Bill	比尔·麦克里迪
Makhankov, Vladimir	弗拉迪米尔·马克翰科夫
Marc, Ballivet	马克·伯利怀特
Margulis, Lynn	林恩·马古利斯
Maxwell, James Clerk	詹姆斯·克列克·麦克斯韦
McCaskill, John	约翰·麦卡斯吉
Meyer, Chris	克里斯·梅尔
Monod, J	莫纳德
Moore, G. E	谟尔
Morowitz, Harold	哈罗德·莫罗维茨
Napoleonic	拿破仑
Neumann, von	冯·诺依曼
Omnes, Roland	罗伦·欧姆内斯
Orgel, Leslie	莱斯里·欧格尔
Oster, George	乔治·奥斯特
Pachner	帕奇勒
Palmer, Richard	理查德·帕尔莫
Pavlov	巴甫洛夫
Penrose, Roger	罗杰·彭罗斯
Perelson, Alan	阿伦·皮鲁森
Pierce, C. S	皮尔斯
Pimm, Stuart	斯图尔特·皮姆
Planck	普朗克
Poincaré	彭加勒



- | | |
|--------------------|----------|
| Pomeau | 泡缪 |
| Popper, K | 波普尔 |
| Post, Mack | 麦克·波斯特 |
| Raup, David | 大卫·罗普 |
| Rawls, John | 约翰·罗尔斯 |
| Ray, Tom | 汤姆·雷 |
| Rebek, Julius | 朱利叶斯·雷贝克 |
| Reny | 瑞尼 |
| Romer, Paul | 保罗·罗莫 |
| Rosen, Robert | 罗伯特·罗森 |
| Rovelli, C | 洛维里 |
| Rusell | 罗素 |
| Sawhill, Bruce | 布鲁斯·索希尔 |
| Scheinkman, Jose | 乔斯·桑克曼 |
| Schrodinger | 薛定谔 |
| Schumpeter, Joseph | 约瑟夫·熊彼特 |
| Schuster, Peter | 彼得·舒斯特 |
| Shannon, Claude | 克劳德·香农 |
| Shell, K | 谢尔 |
| Simon, H | 西蒙 |
| Sinclair, Rolf | 洛夫·辛克莱 |
| Smith, George | 乔治·史密斯 |
| Smolin, Lee | 李·斯莫林 |
| Snow, C. P | 斯诺 |
| Solé, Ricard | 里卡德·索列 |
| Stadler, Peter | 彼得·斯塔德勒 |
| Steven Harris | 史蒂文·哈里斯 |



Sun Tzu	孙子
Szilard, Leo	里奥·西拉德
Szostak, Jack	杰克·佐思塔克
Tomasina	托玛丝娜
Watson	沃森
Weinberg, Stephen	史蒂芬·温伯格
Wellington	惠灵顿
Welsh, John	约翰·威尔斯
Wills, Peter	彼得·韦尔斯
Wittgenstein	维特根斯坦
Wolpert, David	大卫·沃伯特
Wuensche, Andrew	安德鲁·温启
Yakushin, Igor	伊戈·益信
Yammis, Daniel	丹尼尔·亚密斯
Zurek, Wojciech	华西契·祖莱克



Sun Tzu	孙子
Szilard, Leo	里奥·西拉德
Szostak, Jack	杰克·佐思塔克
Tomasina	托玛丝娜
Watson	沃森
Weinberg, Stephen	史蒂芬·温伯格
Wellington	惠灵顿
Welsh, John	约翰·威尔斯
Wills, Peter	彼得·韦尔斯
Wittgenstein	维特根斯坦
Wolpert, David	大卫·沃伯特
Wuensche, Andrew	安德鲁·温启
Yakushin, Igor	伊戈·益信
Yammis, Daniel	丹尼尔·亚密斯
Zurek, Wojciech	华西契·祖莱克



Sun Tzu	孙子
Szilard, Leo	里奥·西拉德
Szostak, Jack	杰克·佐思塔克
Tomasina	托玛丝娜
Watson	沃森
Weinberg, Stephen	史蒂芬·温伯格
Wellington	惠灵顿
Welsh, John	约翰·威尔斯
Wills, Peter	彼得·韦尔斯
Wittgenstein	维特根斯坦
Wolpert, David	大卫·沃伯特
Wuensche, Andrew	安德鲁·温启
Yakushin, Igor	伊戈·益信
Yammis, Daniel	丹尼尔·亚密斯
Zurek, Wojciech	华西契·祖莱克